

(12) DEMANDE INTERNATIONALE PUBLIÉE EN VERTU DU TRAITÉ DE COOPÉRATION
EN MATIÈRE DE BREVETS (PCT)

(19) Organisation Mondiale de la Propriété
Intellectuelle
Bureau international



(43) Date de la publication internationale
11 avril 2002 (11.04.2002)

PCT

(10) Numéro de publication internationale
WO 02/28891 A2

(51) Classification internationale des brevets⁷ :
C07K 14/195

(21) Numéro de la demande internationale :
PCT/FR01/03061

(22) Date de dépôt international : 4 octobre 2001 (04.10.2001)

(25) Langue de dépôt : français

(26) Langue de publication : français

(30) Données relatives à la priorité :
00/12697 4 octobre 2000 (04.10.2000) FR

(71) Déposants (pour tous les États désignés sauf US) : IN-
STITUT PASTEUR [FR/FR]; 28, rue du Docteur Roux,
F-75015 Paris (FR). CENTRE NATIONAL DE LA
RECHERCHE SCIENTIFIQUE (CNRS) [FR/FR]; 3,
rue Michel-Ange, F-75794 Paris Cedex 16 (FR).

(72) Inventeurs; et

(75) Inventeurs/Déposants (pour US seulement) :
KUNST, Frédérik [FR/FR]; 46 Rue Barbès, F-94200
Yvry-Sur-Seine (FR). GLASER, Philippe [FR/FR]; 72
rue de la Glacière, F-75013 Paris (FR).

(74) Mandataires : MARTIN, Jean-Jacques etc.; Cabinet
Régimbeau, 20, rue des Chazelles, F-75847 Paris Cedex
17 (FR).

(81) États désignés (national) : AE, AG, AL, AM, AT, AU, AZ,
BA, BB, BG, BR, BY, BZ, CA, CH, CN, CO, CR, CU, CZ,
DE, DK, DM, DZ, EC, EE, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM,
HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK,
LR, LS, LT, LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX,
MZ, NO, NZ, PH, PL, PT, RO, RU, SD, SE, SG, SI, SK,
SL, TJ, TM, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VN, YU, ZA,
ZW.

(84) États désignés (régional) : brevet ARIPO (GH, GM, KE,
LS, MW, MZ, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZW), brevet eurasien
(AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), brevet européen
(AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU,
MC, NL, PT, SE, TR), brevet OAPI (BF, BJ, CF, CG, CI,
CM, GA, GN, GQ, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

Publiée :

- sans rapport de recherche internationale, sera republiée
dès réception de ce rapport
- avec la partie réservée au listage des séquences de la de-
scription publiée séparément sous forme électronique et
disponible sur demande auprès du Bureau international

En ce qui concerne les codes à deux lettres et autres abrégia-
tions, se référer aux "Notes explicatives relatives aux codes et
abréviations" figurant au début de chaque numéro ordinaire de
la Gazette du PCT.

(54) Title: *LISTERIA INOCUA*, GENOME AND APPLICATIONS

(54) Titre : *LISTERIA INNOCUA*, GENOME ET APPLICATIONS

(57) Abstract: The invention concerns a nucleotide sequence derived from *Listeria inocua* corresponding to a sequence selected among SEQ ID NO: 1 to SEQ ID NO: 11 and the comparative analysis of said genome with that of *Listeria monocytogenes*.

(57) Abrégé : La présente invention concerne notamment une séquence nucléotidique issue de *Listeria innocua* correspondant à une séquence choisie parmi SEQ ID No. 1 à SEQ ID No. 11 et l'analyse comparative de ce génome avec celui de *Listeria monocytogenes*.

WO 02/28891 A2

LISTERIA INNOCUA, GENOME ET APPLICATIONS

L'invention a pour objet un procédé permettant de mettre en évidence les séquences nucléotidiques spécifiques du génome d'une souche de bactérie du genre

5 *Listeria*, notamment d'une souche de *L. innocua* ou *L. monocytogenes*. La présente invention a également pour objet la séquence génomique et des séquences nucléotidiques codant pour des polypeptides de *Listeria innocua*, tels que des polypeptides d'enveloppe cellulaire, sécrétés ou spécifiques, ou impliqués dans le métabolisme et dans le processus de réplication, ainsi que des vecteurs incluant lesdites

10 séquences et des cellules ou animaux transformés par ces vecteurs. L'invention concerne aussi la comparaison de ces séquences nucléotidiques avec celles codant pour les polypeptides de *Listeria monocytogenes*, souche EGDe ou *L. monocytogenes* 4b, ainsi que les séquences nucléotidiques spécifiques de ces souches de *Listeria*. L'invention concerne également des procédés de détection de ces acides nucléiques ou

15 polypeptides et des kits de diagnostic de contamination par des bactéries du genre *Listeria* et des kits de typage de souches contaminantes. L'invention vise aussi une méthode de sélection de composés capables de moduler l'infection bactérienne engendrée par d'autres *Listeria* et un procédé de biosynthèse ou de biodégradation de molécules d'intérêt utilisant lesdites séquences nucléotidiques ou lesdits polypeptides.

20 L'invention comprend enfin des compositions pharmaceutiques, notamment vaccinales, pour la prévention et/ou le traitement d'infections bactériennes, en particulier par *Listeria*, notamment *monocytogenes*, et des compositions contenant des anticorps dirigés contre des polypeptides spécifiques de *L. innocua* ou de *L. monocytogenes*, souche EGDe ou *L. monocytogenes* 4b.

25 Dans les infections à *Listeria*, *Listeria monocytogenes* est la plus fréquente et la plus dangereuse. *Listeria monocytogenes* est un pathogène intracellulaire facultatif. Il s'agit de l'agent étiologique de la listériose, une infection liée à la nourriture posant des problèmes de santé publique de plus en plus importants, avec un impact économique important pour l'industrie alimentaire. La listériose est l'infection liée aux aliments la

30 plus létale (mortalité d'environ 30 %). *Listeria monocytogenes* possède la propriété inhabituelle d'être capable de traverser trois barrières : la barrière intestinale, la barrière hémato-encéphalique et la barrière placentaire. Les manifestations cliniques de la listériose incluent les méningites, méningo-encéphalites, avortements et septicémies. Cette infection est opportuniste et affecte principalement les femmes enceintes, les

bébés, les personnes âgées et les personnes immuno-déprimées en particulier les personnes atteintes du SIDA. Cette maladie affecte également les individus sains et est responsable d'un nombre important d'épidémies en raison de produits alimentaires contaminés. *Listeria monocytogenes* est également d'une importance vétérinaire avec un

5 risque principal pour les ovins (moutons) et les bovins. *Listeria monocytogenes* est particulièrement résistante au stress ou aux conditions extrêmes et il est important de rechercher sa présence avec soin non seulement pour des problèmes de sécurité alimentaire mais également pour des problèmes de sécurité environnementale.

Suite à la découverte d'une contamination, le typage de la ou les souches isolées

10 est nécessaire pour identifier l'origine de la contamination. Par ailleurs, lorsqu'une même installation est contaminée par deux événements successifs il est important de montrer avec certitude si ce sont deux contaminations indépendantes ou si une même souche est responsable de ces deux événements. La méthode la plus performante actuellement utilisée, le profil de migration en gel en champs pulsé (PFGE) après

15 digestion de l'ADN chromosomique est une méthode très lourde qui ne peut être mise en œuvre de manière systématique. Une méthode alternative, moins performante mais automatisée, le ribotypage, présente un coût, par analyse, élevé qui limite son utilisation.

Il faut aussi souligner que le risque de listériose est très variable en fonction de

20 la souche de *Listeria* contaminante. A l'extrême, certaines souches pourraient être considérées comme dangereuses et d'autres inoffensives (comme *Listeria innocua*). Ainsi, alors que des contaminations par les *Listeria* sont très fréquentes, le nombre de cas décrits est faible. Dans cette perspective, la disponibilité d'un outil permettant d'identifier le risque lié à une contamination (en fonction du type génomique de la

25 souche et du nombre de bactéries par gramme d'aliment) permettrait aux industriels de réagir en fonction de ce risque.

La séquence complète du génome de *Listeria monocytogenes* a été établie pour la souche EGDe déposée à la CNCM sous le n° I-2440 le 11 avril 2000 et décrite dans la demande de brevet français N° 00 04629 déposée le 11 avril 2000. Le génome de

30 cette bactérie est circulaire et comporte environ 3000 kilobases. Son contenu en GC est d'environ 38 %. Les études des facteurs de virulence ont permis l'identification d'un locus de 15 kb qui peut être considéré comme étant un îlot de pathogénicité dans la mesure où il contient la plupart des gènes dont la fonction dans la virulence a été clairement identifiée.

La présente invention a ainsi pour objet un procédé permettant de mettre en évidence des séquences nucléotidiques spécifiques du génome d'une souche de bactérie du genre *Listeria*, notamment spécifiques d'une souche de *L. innocua* ou *L. monocytogenes*, telle que la souche *L. monocytogenes* EGDe ou *L. monocytogenes* 4b.

5 Un tel procédé selon l'invention permet notamment l'identification de séquences spécifiques de :

- *L. innocua* par rapport à *L. monocytogenes*, notamment par rapport *L. monocytogenes* EGDe et/ou *L. monocytogenes* 4b ;

10 - *L. monocytogenes*, notamment *L. monocytogenes* EGDe ou *L. monocytogenes* 4b, par rapport à *L. innocua* ;

- *L. monocytogenes* EGDe par rapport à *L. innocua* et/ou *L. monocytogenes* 4b ;

et

- *L. monocytogenes* 4b par rapport à *L. innocua* et/ou *L. monocytogenes* EGDe.

15 Ledit procédé selon l'invention est de préférence caractérisé en ce qu'il comprend au moins les étapes suivantes :

a) l'alignement des séquences nucléotidiques de *L. monocytogenes*, notamment celles de *L. monocytogenes* EGDe et/ou *L. monocytogenes* 4b, et de celles de *L. innocua* selon l'invention ; et

20 b) le traitement des données obtenues par cet alignement pour isoler lesdites séquences spécifiques.

Dans un mode de réalisation préféré, le procédé selon l'invention est caractérisé en ce que les séquences nucléotidiques de *L. monocytogenes*, notamment celles de *L. monocytogenes* EGDe et/ou *L. monocytogenes* 4b sont choisies parmi les séquences nucléotidiques génomiques :

25 - telles que décrites dans la demande de brevet français N° 00 04629 déposée le 11 avril 2000 ou dans la demande internationale de brevet PCT/FR 01/01118 déposée le 11 avril 2001 pour *L. monocytogenes* EGDe, notamment la séquence SEQ ID No. 1 du génome complet de *L. monocytogenes* EGDe ; et

30 - les séquences SEQ ID Nos.1068 à 2041 ou Nos. 2872 à 3891 pour *L. monocytogenes* 4b.

Dans un mode de réalisation également préféré, le procédé selon l'invention est caractérisé en ce que les séquences nucléotidiques spécifiques de *L. innocua* ou *L. monocytogenes*, notamment celles de *L. monocytogenes* EGDe et/ou *L. monocytogenes* 4b, hybrident dans des conditions de forte stringence avec respectivement les séquences

nucléotidiques, ou leur séquence complémentaire, de *L. innocua* ou *L. monocytogenes*, notamment celles de *L. monocytogenes* EGDe et/ou *L. monocytogenes* 4b.

La présente invention concerne les séquences nucléotidiques et polypeptidiques de *Listeria innocua* et la comparaison des séquences correspondantes avec celles de
5 *Listeria monocytogenes* souche EGDe et/ou 4b.

L'invention concerne notamment :

- les séquences nucléiques SEQ ID Nos. 12 à 689 (cf. Tableau V) et SEQ ID Nos. 2059 à 2601 (cf. Tableau VI), notamment SEQ ID Nos. 2059 à 2601, spécifiques de *Listeria innocua* par rapport à *Listeria monocytogenes* souche EGDe ;

10 - les séquences nucléiques SEQ ID Nos. 690 à 1067 (cf. Tableau V) et SEQ ID Nos. 2602 à 2871 (cf. Tableau VII), notamment SEQ ID Nos. 2602 à 2871, spécifiques de *Listeria monocytogenes* souche EGDe par rapport *Listeria innocua* ;

- les séquences nucléiques SEQ ID Nos. 3892 à 4025 (cf. Tableau IX) spécifiques de *Listeria monocytogenes* 4b par rapport à *Listeria innocua* et *Listeria*
15 *monocytogenes* souche EGDe,

leurs fragments de longueur suffisante pour conserver leur susdite spécificité, leur séquence complémentaire, amorces ou sondes spécifiques, les peptides codés par ces séquences nucléiques ou anticorps dirigés contre ces peptides, ainsi que notamment leurs utilisations, pour l'identification d'une souche de *Listeria*, ou pour la distinction
20 entre une souche pathogène ou non pathogène de *Listeria* dans un échantillon biologique, en particulier à l'aide de procédés ou de kit de diagnostic tels que ci-après présentés ou connus de l'homme de l'art.

L'homme de l'art saura, à partir de ces séquences spécifiques selon l'invention, dessiner les amorces ou sondes, produire les peptides spécifiques ou les anticorps
25 dirigés contre ces peptides nécessaires pour la mise en œuvre de ces procédés de diagnostic ou l'élaboration de kit de diagnostic tels que ci-après présentés ou standards.

Ainsi, c'est un objet de la présente invention que de divulguer la séquence complète du génome de *Listeria innocua*, en particulier CLIP 11262 contenu dans la
30 banque génomique préparée à partir du génome de cette souche et déposée à la CNCM le 2 octobre 2000 sous le numéro I-2565 ainsi que de tous les gènes et séquences régulatrices non codantes contenus dans ledit génome.

La souche CLIP 11262 a été isolée d'un produit laitier. Cette souche est conservée au Centre National de Référence des *Listeria* à l'INSTITUT PASTEUR (centre collaborateur OMS).

La comparaison des séquences complètes des génomes de *L. monocytogenes* souche EGDe et *Listeria innocua*, souche CLIP 11262, montre qu'environ 86 % de ces génomes sont très fortement conservés (80 à 95 % d'identité ADN). Par contre les 14 % restants sont spécifiques de chaque souche. Pratiquement, une puce représentant l'ensemble des gènes de chaque espèce donnerait un signal positif pour l'ADN des deux souches pour 86 % des sondes et pour 14 % un signal uniquement avec l'ADN d'une des deux souches.

Ces résultats sont en accord avec les données de la littérature sur la diversité des souches de *Listeria*. Par ailleurs des données récentes du laboratoire sur le séquençage d'une souche épidémique de *L. monocytogenes* (serotype 4b (CLIP 80459)) confirme cette diversité mais surtout montre que les souches de serotype-4b sont sans doute aussi proches de *L. innocua* que de la souche de *L. monocytogenes* de sérotype-1/2a dont le génome a été séquencé. La souche CLIP 80459 est une souche épidémique. Elle est conservée au Centre National de Référence des *Listeria* de l'INSTITUT PASTEUR (centre collaborateur OMS). Il faut aussi souligner que la souche d'*innocua* n'est pas pathogène et par conséquent que les gènes spécifiques de *L. monocytogenes* sont potentiellement impliqués dans la pathogénicité. Par ailleurs l'analyse du génome de la souche EGDe a permis d'identifier les principaux gènes de compétences, c'est-à-dire les gènes favorisant les transferts de gènes horizontaux. Certaines souches de *Listeria* doivent par conséquent avoir la capacité à être transformées. Des transferts horizontaux entre souches doivent ainsi être fréquents et expliquer la grande diversité observée entre les isolats.

La souche *Listeria monocytogenes* sérotype 4b est également identifiée dans la présente demande par *Listeria monocytogenes* 4b et de manière interchangeable.

L'ensemble de ces observations indique que les gènes identifiés comme variables entre *L. monocytogenes* souche EGDe et *L. innocua* doivent être représentatifs de la diversité génomique des *Listeria*.

L'invention concerne également de nouveaux outils pour le typage des souches de *Listeria*. Ces outils pourraient être du type "puce" à ADN ou d'un autre type. Les caractéristiques nouvelles de ces outils de typage seront les suivantes :

- * Rapidité et simplicité d'utilisation ;

* Haut pouvoir de discrimination entre les souches ;

* Possibilité de fournir des informations sur le contenu génomique de la souche analysée et de permettre éventuellement de prévoir le risque associé à une contamination par *Listeria*.

5 La présente invention concerne donc une séquence nucléotidique de *Listeria innocua* caractérisée en ce qu'elle correspond à une séquence choisie parmi SEQ ID No. 1 à SEQ ID No. 11, SEQ ID No. 2057 et SEQ ID No. 2058, notamment parmi SEQ ID No. 2057 et SEQ ID No. 2058.

10 La présente invention concerne également une séquence nucléotidique issue de *Listeria innocua*, caractérisée en ce qu'elle est choisie parmi :

a) une séquence nucléotidique comportant au moins 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 % ou 98 % d'identité avec une séquence choisie parmi SEQ ID No. 1 à SEQ ID No. 11, SEQ ID No. 2057 et SEQ ID No. 2058, notamment parmi SEQ ID No. 2057 et SEQ ID No. 2058 ;

15 b) une séquence nucléotidique hybridant dans des conditions de forte stringence avec une séquence choisie parmi SEQ ID No. 1 à SEQ ID No. 11, SEQ ID No. 2057 et SEQ ID No. 2058 ;

20 c) une séquence nucléotidique complémentaire d'une séquence choisie parmi SEQ ID No. 1 à SEQ ID No. 11, SEQ ID No. 2057 et SEQ ID No. 2058, ou complémentaire d'une séquence nucléotidique telle que définie en a), ou b), ou une séquence nucléotidique de l'ARN correspondant à l'une des séquences a) ou b) ;

25 d) une séquence nucléotidique d'un fragment représentatif d'une séquence choisie parmi SEQ ID No. 1 à SEQ ID No. 11, SEQ ID No. 2057 et SEQ ID No. 2058, ou d'un fragment représentatif d'une séquence nucléotidique telle que définie en a), b) ou c) ;

e) une séquence nucléotidique comprenant une séquence telle que définie en a), b), c) ou d) ; et

f) une séquence nucléotidique telle que définie en a), b), c), d) ou e) modifiée.

30 De façon plus particulière, la présente invention a également pour objet les séquences nucléotidiques caractérisées en ce qu'elles sont issues de SEQ ID No. 1 à SEQ ID No. 11, SEQ ID No. 2057 et SEQ ID No. 2058 et en ce qu'elles codent pour un polypeptide, choisies parmi les séquences SEQ ID No. 12 à SEQ ID No. 689, SEQ ID No. 2053 à SEQ ID No. 2056 et SEQ ID No. 2059 à SEQ ID No. 2601, notamment parmi SEQ ID No. 2059 à SEQ ID No. 2601.

La présente invention concerne aussi de façon plus générale les séquences nucléotidiques issues de SEQ ID No. 1 à SEQ ID No. 11, SEQ ID No. 2057 et SEQ ID No. 2058 et codant pour un polypeptide de *L. innocua*, telles qu'elles peuvent être isolées à partir de SEQ ID No. 1 à SEQ ID No. 11, SEQ ID No. 2057 et SEQ ID No. 2058, notamment à partir de SEQ ID No. 2057 et SEQ ID No. 2058.

De plus, les séquences nucléotidiques, caractérisées en ce qu'elles comprennent une séquence nucléotidique choisie parmi :

- a) une séquence nucléotidique codant pour un polypeptide, choisie parmi les séquences SEQ ID No. 12 à SEQ ID No. 689, SEQ ID No. 2053 à SEQ ID No. 2056 et SEQ ID No. 2059 à SEQ ID No. 2601, notamment parmi SEQ ID No. 2059 à SEQ ID No. 2601 ;
 - b) une séquence nucléotidique comportant au moins 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 % ou 98 % d'identité avec une séquence nucléotidique codant pour un polypeptide, choisie parmi les séquences SEQ ID No. 12 à SEQ ID No. 689, SEQ ID No. 2053 à SEQ ID No. 2056 et SEQ ID No. 2059 à SEQ ID No. 2601, notamment parmi SEQ ID No. 2059 à SEQ ID No. 2601 ;
 - c) une séquence nucléotidique s'hybridant dans des conditions de forte stringence avec une séquence nucléotidique codant pour un polypeptide, choisie parmi les séquences SEQ ID No. 12 à SEQ ID No. 689, SEQ ID No. 2053 à SEQ ID No. 2056 et SEQ ID No. 2059 à SEQ ID No. 2601, notamment parmi SEQ ID No. 2059 à SEQ ID No. 2601 ;
 - d) une séquence nucléotidique complémentaire ou d'ARN correspondant à une séquence telle que définie en a), b) ou c) ;
 - e) une séquence nucléotidique d'un fragment représentatif d'une séquence telle que définie en a), b), c) ou d) ; et
 - f) une séquence telle que définie en a), b), c), d) ou e) modifiée,
- sont également des objets de l'invention.

La présente invention concerne également une séquence nucléotidique de *Listeria monocytogenes* sérotype 4b de séquence SEQ ID No. 1068 à SEQ ID No. 2041 et SEQ ID No. 2872 à SEQ ID No. 3891, notamment SEQ ID No. 2872 à SEQ ID No. 3891.

La présente invention concerne également une séquence nucléotidique de *Listeria monocytogenes* sérotype 4b caractérisée en ce qu'elle est choisie parmi :

- a) une séquence nucléotidique comportant au moins 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 % ou 98 % d'identité avec SEQ ID No. 1068 à SEQ ID No. 2041, SEQ ID No. 2872 à SEQ ID No. 3891, notamment avec SEQ ID No. 2872 à SEQ ID No. 3891 ;
- 5 b) une séquence nucléotidique hybridant dans des conditions de forte stringence avec SEQ ID No. 1068 à SEQ ID No. 2041, SEQ ID No. 2872 à SEQ ID No. 3891, notamment avec SEQ ID No. 2872 à SEQ ID No. 3891 ;
- c) une séquence nucléotidique complémentaire de SEQ ID No. 1068 à SEQ ID No. 2041, SEQ ID No. 2872 à SEQ ID No. 3891, notamment de SEQ ID No. 2872 à SEQ ID No. 3891 ou complémentaire d'une séquence nucléotidique telle que définie en
- 10 a) ou b), ou une séquence nucléotidique de l'ARN correspondant à l'une des séquences a) ou b) ;
- d) une séquence nucléotidique d'un fragment représentatif de SEQ ID No. 1068 à SEQ ID No. 2041, SEQ ID No. 2872 à SEQ ID No. 3891, notamment de SEQ ID No. 2872 à SEQ ID No. 3891 ou d'un fragment représentatif d'une séquence
- 15 nucléotidique telle que définie en a), b) ou c) ;
- e) une séquence nucléotidique comprenant une séquence telle que définie en a), b), c) ou d) ; et
- f) une séquence nucléotidique telle que définie en a), b), c), d) ou e) modifiée.

De façon plus particulière, la présente invention a également pour objet les

20 séquences nucléotidiques caractérisées en ce qu'elles sont issues de SEQ ID No. 1068 à SEQ ID No. 2041, SEQ ID No. 2872 à SEQ ID No. 3891, notamment de SEQ ID No. 2872 à SEQ ID No. 3891 et en ce qu'elles codent pour un polypeptide, choisies parmi les séquences SEQ ID No. 690 à SEQ ID No. 1067, SEQ ID No. 2049 à SEQ ID No. 2052 et SEQ ID No. 2602 à SEQ ID No. 2871, notamment parmi SEQ ID No. 2602 à

25 SEQ ID No. 2871.

La présente invention concerne aussi de façon plus générale les séquences nucléotidiques issues de SEQ ID No. 1068 à 2041, SEQ ID No. 2872 à SEQ ID No. 3891, notamment de SEQ ID No. 2872 à SEQ ID No. 3891, et codant pour un polypeptide de *L. monocytogenes*, telles qu'elles peuvent être isolées à partir de SEQ ID

30 No. 690 à 1067, SEQ ID No. 2049 à SEQ ID No. 2052 et SEQ ID No. 2602 à SEQ ID No. 2871, notamment parmi SEQ ID No. 2602 à SEQ ID No. 2871.

De plus, les séquences nucléotidiques, caractérisées en ce qu'elles comprennent une séquence nucléotidique choisie parmi :

a) une séquence nucléotidique codant pour un polypeptide, choisie parmi les séquences SEQ ID No. 690 à SEQ ID No. 1067, SEQ ID No. 2602 à SEQ ID No. 2871, notamment parmi SEQ ID No. 2602 à SEQ ID No. 2871 ;

5 b) une séquence nucléotidique comportant au moins 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 % ou 98 % d'identité avec une séquence nucléotidique codant pour un polypeptide, choisie parmi les séquences SEQ ID No. 690 à SEQ ID No. 1067, SEQ ID No. 2602 à SEQ ID No. 2871, notamment parmi SEQ ID No. 2602 à SEQ ID No. 2871 ;

10 c) une séquence nucléotidique s'hybridant dans des conditions de forte stringence avec une séquence nucléotidique codant pour un polypeptide, choisie parmi les séquences SEQ ID No. 690 à SEQ ID No. 1067, SEQ ID No. 2602 à SEQ ID No. 2871, notamment parmi SEQ ID No. 2602 à SEQ ID No. 2871 ;

d) une séquence nucléotidique complémentaire ou d'ARN correspondant à une séquence telle que définie en a), b) ou c) ;

15 e) une séquence nucléotidique d'un fragment représentatif d'une séquence telle que définie en a), b), c) ou d) ; et

f) une séquence telle que définie en a), b), c), d) ou e) modifiée, sont également des objets de l'invention.

20 Par acide nucléique, séquence nucléique ou d'acide nucléique, polynucléotide, oligonucléotide, séquence de polynucléotide, séquence nucléotidique, termes qui seront employés indifféremment dans la présente description, on entend désigner un enchaînement précis de nucléotides, modifiés ou non, permettant de définir un fragment ou une région d'un acide nucléique, comportant ou non des nucléotides non naturels, et pouvant correspondre aussi bien à un ADN double brin, un ADN simple brin qu'à des produits de transcription desdits ADNs. Ainsi, les séquences nucléiques selon
25 l'invention englobent également les PNA (Peptid Nucleic Acid).

Il doit être compris que la présente invention ne concerne pas les séquences nucléotidiques dans leur environnement chromosomique naturel, c'est-à-dire à l'état naturel. Il s'agit de séquences qui ont été isolées et/ou purifiées, c'est-à-dire qu'elles ont été prélevées directement ou indirectement, par exemple par copie, leur environnement
30 ayant été au moins partiellement modifié. On entend ainsi également désigner les acides nucléiques obtenus par synthèse chimique.

Par « pourcentage d'identité » entre deux séquences d'acides nucléiques ou d'acides aminés au sens de la présente invention, on entend désigner un pourcentage de nucléotides ou de résidus d'acides aminés identiques entre les deux séquences à

- comparer, obtenu après le meilleur alignement, ce pourcentage étant purement statistique et les différences entre les deux séquences étant réparties au hasard et sur toute leur longueur. On entend désigner par "meilleur alignement" ou "alignement optimal", l'alignement pour lequel le pourcentage d'identité déterminé comme ci-après est le plus élevé. Les comparaisons de séquences entre deux séquences d'acides nucléiques ou d'acides aminés sont traditionnellement réalisées en comparant ces séquences après les avoir alignées de manière optimale, ladite comparaison étant réalisée par segment ou par « fenêtre de comparaison » pour identifier et comparer les régions locales de similarité de séquence. L'alignement optimal des séquences pour la comparaison peut être réalisé, outre manuellement, au moyen de l'algorithme d'homologie locale de Smith et Waterman (1981, Ad. App. Math. 2:482), au moyen de l'algorithme d'homologie locale de Neddleman et Wunsch (1970, J. Mol. Biol. 48:443), au moyen de la méthode de recherche de similarité de Pearson et Lipman (1988, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85:2444), au moyen de logiciels informatiques utilisant ces algorithmes (GAP, BESTFIT, BLAST P, BLAST N, FASTA et TFASTA dans le Wisconsin Genetics Software Package, Genetics Computer Group, 575 Science Dr., Madison, WI). Afin d'obtenir l'alignement optimal, on utilise de préférence le programme BLAST, avec la matrice BLOSUM 62. On peut également utiliser les matrices PAM ou PAM250.
- Le pourcentage d'identité entre deux séquences d'acides nucléiques ou d'acides aminés est déterminé en comparant ces deux séquences alignées de manière optimale, la séquence d'acides nucléiques ou d'acides aminés à comparer pouvant comprendre des additions ou des délétions par rapport à la séquence de référence pour un alignement optimal entre ces deux séquences. Le pourcentage d'identité est calculé en déterminant le nombre de positions identiques pour lesquelles le nucléotide ou le résidu d'acide aminé est identique dans les deux séquences, en divisant ce nombre de positions identiques par le nombre total de positions comparées et en multipliant le résultat obtenu par 100 pour obtenir le pourcentage d'identité entre ces deux séquences.
- Par séquences nucléiques présentant un pourcentage d'identité d'au moins 75 %, de préférence 80 %, 85 % ou 90 %, de façon plus préférée 95 % voire 98 %, après alignement optimal avec une séquence de référence, on entend désigner les séquences nucléiques présentant, par rapport à la séquence nucléique de référence, certaines modifications comme en particulier une délétion, une troncation, un allongement, une fusion chimérique et/ou une substitution, notamment ponctuelle, et dont la séquence

nucléique présente au moins 75 %, de préférence 80 %, 85 %, 90 %, 95 % ou 98 %, d'identité après alignement optimal avec la séquence nucléique de référence. Il s'agit de préférence de séquences dont les séquences complémentaires sont susceptibles de s'hybrider spécifiquement avec les séquences de référence. De préférence, les conditions d'hybridation spécifiques ou de forte stringence seront telles qu'elles assurent au moins 75 %, de préférence 80 %, 85 %, 90 %, 95 % ou 98 % d'identité après alignement optimal entre l'une des deux séquences et sa séquence complémentaire.

Une hybridation dans des conditions de forte stringence signifie que les conditions de température et de force ionique sont choisies de telle manière qu'elles permettent le maintien de l'hybridation entre deux fragments d'ADN complémentaires. A titre illustratif, des conditions de forte stringence de l'étape d'hybridation aux fins de définir les fragments polynucléotidiques décrits ci-dessus, sont avantageusement les suivantes.

L'hybridation ADN-ADN ou ADN-ARN est réalisée en deux étapes : (1) préhybridation à 42°C pendant 3 heures en tampon phosphate (20 mM, pH 7,5) contenant 5 x SSC (1 x SSC correspond à une solution 0,15 M NaCl + 0,015 M citrate de sodium), 50 % de formamide, 7 % de sodium dodécyl sulfate (SDS), 10 x Denhardt's, 5 % de dextran sulfate et 1 % d'ADN de sperme de saumon ; (2) hybridation proprement dite pendant 20 heures à une température dépendant de la taille de la sonde (i.e. : 42°C, pour une sonde de taille > 100 nucléotides) suivie de 2 lavages de 20 minutes à 20°C en 2 x SSC + 2 % SDS, 1 lavage de 20 minutes à 20°C en 0,1 x SSC + 0,1 % SDS. Le dernier lavage est pratiqué en 0,1 x SSC + 0,1 % SDS pendant 30 minutes à 60°C pour une sonde de taille > 100 nucléotides. Les conditions d'hybridation de forte stringence décrites ci-dessus pour un polynucléotide de taille définie, peuvent être adaptées par l'homme du métier pour des oligonucléotides de taille plus grande ou plus petite, selon l'enseignement de Sambrook et al. (1989, Molecular cloning : a laboratory manual, 2nd Ed. Cold Spring Harbor).

De plus, par fragment représentatif de séquences selon l'invention, on entend désigner tout fragment nucléotidique présentant au moins 15 nucléotides, de préférence au moins 30, 75, 150, 300 et 450 nucléotides consécutifs de la séquence dont il est issu.

Par fragment représentatif, on entend en particulier une séquence nucléique codant pour un fragment biologiquement actif d'un polypeptide, tel que défini plus loin.

Par fragment représentatif, on entend également les séquences intergéniques, et en particulier les séquences nucléotidiques portant les signaux de régulation (promoteurs, terminateurs, voire enhanceurs, ...).

Parmi lesdits fragments représentatifs, on préfère ceux ayant des séquences
5 nucléotidiques correspondant à des cadres ouverts de lecture, dénommés séquences ORFs (ORF pour « Open Reading Frame »), compris en général entre un codon d'initiation et un codon stop, ou entre deux codons stop, et codant pour des polypeptides, de préférence d'au moins 100 acides aminés, tel que par exemple, sans s'y limiter, les séquences ORFs qui seront décrites par la suite.

10 La numérotation des séquences nucléotidiques ORFs qui sera utilisée par la suite dans la présente description correspond à la numérotation des séquences d'acides aminés des protéines codées par lesdites ORFs.

Les fragments représentatifs selon l'invention peuvent être obtenus par exemple par amplification spécifique telle que la PCR ou après digestion par des enzymes de
15 restriction appropriés de séquences nucléotidiques selon l'invention, cette méthode étant décrite en particulier dans l'ouvrage de Sambrook et al.. Lesdits fragments représentatifs peuvent également être obtenus par synthèse chimique lorsque leur taille n'est pas trop importante, selon des méthodes bien connues de l'homme du métier.

Parmi les séquences contenant des séquences de l'invention, ou des fragments
20 représentatifs, on entend également les séquences qui sont naturellement encadrées par des séquences qui présentent au moins 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 % ou 98 % d'identité avec les séquences selon l'invention.

Par séquence nucléotidique modifiée, on entend toute séquence nucléotidique obtenue par mutagenèse selon des techniques bien connues de l'homme du métier, et
25 comportant des modifications par rapport aux séquences normales, par exemple des mutations dans les séquences régulatrices et/ou promotrices de l'expression du polypeptide, notamment conduisant à une modification du taux d'expression ou de l'activité dudit polypeptide.

Par séquence nucléotidique modifiée, on entend également toute séquence
30 nucléotidique codant pour un polypeptide modifié tel que défini ci-après.

Les fragments représentatifs selon l'invention peuvent également être des sondes ou amorces, qui peuvent être utilisées dans des procédés de détection, d'identification, de dosage ou d'amplification de séquences nucléiques.

Une sonde ou amorce se définit, au sens de l'invention, comme étant un fragment d'acides nucléiques simple brin ou un fragment double brin dénaturé comprenant par exemple de 12 bases à quelques kb, notamment de 15 à quelques centaines de bases, de préférence de 15 à 50 ou 100 bases, et possédant une spécificité d'hybridation dans des conditions déterminées pour former un complexe d'hybridation avec un acide nucléique cible.

Les sondes et amorces selon l'invention peuvent être marquées directement ou indirectement par un composé radioactif ou non radioactif par des méthodes bien connues de l'homme du métier, afin d'obtenir un signal détectable et/ou quantifiable (brevet FR 78 10975 et bDNA de Chiron EP 225 807 et EP 510 085).

Les séquences non marquées de polynucléotides selon l'invention peuvent être utilisées directement comme sonde ou amorce.

Les séquences sont généralement marquées pour obtenir des séquences utilisables pour de nombreuses applications. Le marquage des amorces ou des sondes selon l'invention est réalisé par des éléments radioactifs ou par des molécules non radioactives.

Parmi les isotopes radioactifs utilisés, on peut citer le ^{32}P , le ^{33}P , le ^{35}S , le ^3H ou le ^{125}I . Les entités non radioactives sont sélectionnées parmi les ligands tels la biotine, l'avidine, la streptavidine, la dioxygénine, les haptènes, les colorants, les agents luminescents tels que les agents radioluminescents, chémoluminescents, bioluminescents, fluorescents, phosphorescents.

Les polynucléotides selon l'invention peuvent ainsi être utilisés comme amorce et/ou sonde dans des procédés mettant en oeuvre notamment la technique de PCR (amplification en chaîne par polymérase) (Rolf et al., 1991, Berlin : Springer-Verlag). Cette technique nécessite le choix de paires d'amorces oligonucléotidiques encadrant le fragment qui doit être amplifié. On peut, par exemple, se référer à la technique décrite dans le brevet américain U.S. N° 4,683,202. Les fragments amplifiés peuvent être identifiés, par exemple après une électrophorèse en gel d'agarose ou de polyacrylamide, ou après une technique chromatographique comme la filtration sur gel ou la chromatographie échangeuse d'ions, puis séquencés. La spécificité de l'amplification peut être contrôlée en utilisant les séquences nucléotidiques de polynucléotides de l'invention comme matrice, des plasmides contenant ces séquences ou encore les produits d'amplification dérivés. Les fragments nucléotidiques amplifiés peuvent être utilisés comme réactifs dans des réactions d'hybridation afin de mettre en évidence la

présence, dans un échantillon biologique, d'un acide nucléique cible de séquence complémentaire à celle desdits fragments nucléotidiques amplifiés.

L'invention vise également les acides nucléiques susceptibles d'être obtenus par amplification à l'aide d'amorces selon l'invention.

- 5 D'autres techniques d'amplification de l'acide nucléique cible peuvent être avantageusement employées comme alternative à la PCR (PCR-like) à l'aide de couple d'amorces de séquences nucléotidiques selon l'invention. Par PCR-like on entend désigner toutes les méthodes mettant en œuvre des reproductions directes ou indirectes des séquences d'acides nucléiques, ou bien dans lesquelles les systèmes de marquage
- 10 ont été amplifiés, ces techniques sont bien entendu connues. En général, il s'agit de l'amplification de l'ADN par une polymérase ; lorsque l'échantillon d'origine est un ARN il convient préalablement d'effectuer une transcription reverse. Il existe actuellement de très nombreux procédés permettant cette amplification, comme par exemple la technique SDA (Strand Displacement Amplification) ou technique
- 15 d'amplification à déplacement de brin (Walker et al., 1992, Nucleic Acids Res. 20:1691), la technique TAS (Transcription-based Amplification System) décrite par Kwoh et al. (1989, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 86, 1173), la technique 3SR (Self-Sustained Sequence Replication) décrite par Guatelli et al. (1990, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 87:1874), la technique NASBA (Nucleic Acid Sequence Based Amplification)
- 20 décrite par Kievitis et al. (1991, J. Virol. Methods, 35, 273), la technique TMA (Transcription Mediated Amplification), la technique LCR (Ligase Chain Reaction) décrite par Landegren et al. (1988, Science 241, 1077), la technique de RCR (Repair Chain Reaction) décrite par Segev (1992, Kessler C. Springer Verlag, Berlin, New-York, 197-205), la technique CPR (Cycling Probe Reaction) décrite par Duck et al.
- 25 (1990, Biotechniques, 9, 142), la technique d'amplification à la Q-béta-réplacase décrite par Miele et al. (1983, J. Mol. Biol., 171, 281). Certaines de ces techniques ont depuis été perfectionnées.

- Dans le cas où le polynucléotide cible à détecter est un ARNm, on utilise avantageusement, préalablement à la mise en œuvre d'une réaction d'amplification à
- 30 l'aide des amorces selon l'invention ou à la mise en œuvre d'un procédé de détection à l'aide des sondes de l'invention, une enzyme de type transcriptase inverse afin d'obtenir un ADNc à partir de l'ARNm contenu dans l'échantillon biologique. L'ADNc obtenu servira alors de cible pour les amorces ou les sondes mises en œuvre dans le procédé d'amplification ou de détection selon l'invention.

La technique d'hybridation de sondes peut être réalisée de manières diverses (Matthews et al., 1988, Anal. Biochem., 169, 1-25). La méthode la plus générale consiste à immobiliser l'acide nucléique extrait des cellules de différents tissus ou de cellules en culture sur un support (tels que la nitrocellulose, le nylon, le polystyrène) et à incuber, dans des conditions bien définies, l'acide nucléique cible immobilisé avec la sonde. Après l'hybridation, l'excès de sonde est éliminé et les molécules hybrides formées sont détectées par la méthode appropriée (mesure de la radioactivité, de la fluorescence ou de l'activité enzymatique liée à la sonde).

Selon un autre mode de mise en œuvre des sondes nucléiques selon l'invention, ces dernières peuvent être utilisées comme sondes de capture. Dans ce cas, une sonde, dite « sonde de capture », est immobilisée sur un support et sert à capturer par hybridation spécifique l'acide nucléique cible obtenu à partir de l'échantillon biologique à tester et l'acide nucléique cible est ensuite détecté grâce à une seconde sonde, dite « sonde de détection », marquée par un élément facilement détectable.

Parmi les fragments d'acides nucléiques intéressants, il faut ainsi citer en particulier les oligonucléotides anti-sens, c'est-à-dire dont la structure assure, par hybridation avec la séquence cible, une inhibition de l'expression du produit correspondant. Il faut également citer les oligonucléotides sens qui, par interaction avec des protéines impliquées dans la régulation de l'expression du produit correspondant, induiront soit une inhibition, soit une activation de cette expression.

De façon préférée, les sondes ou amorces selon l'invention sont immobilisées sur un support, de manière covalente ou non covalente. En particulier, le support peut être une puce à ADN ou un filtre à haute ou moyenne densité, également objets de la présente invention (brevets WO 97/29212, WO 98/27317, WO 97/10365 et WO 92/10588).

On entend désigner par puce à ADN ou filtre haute densité, un support sur lequel sont fixées des séquences d'ADN, chacune d'entre elles pouvant être repérée par sa localisation géographique. Ces puces ou filtres diffèrent principalement par leur taille, le matériau du support, et éventuellement le nombre de séquences d'ADN qui y sont fixées.

On peut fixer les sondes ou amorces selon la première invention sur des supports solides, en particulier les puces à ADN, par différents procédés de fabrication. En particulier, on peut effectuer une synthèse *in situ* par adressage photochimique ou par jet d'encre. D'autres techniques consistent à effectuer une synthèse *ex situ* et à fixer les

sondes sur le support de la puce à ADN par adressage mécanique, électronique ou par jet d'encre. Ces différents procédés sont bien connus de l'homme du métier.

Une séquence nucléotidique (sonde ou amorce) selon l'invention permet donc la détection et/ou l'amplification de séquences nucléiques spécifiques. En particulier, la
5 détection de cesdites séquences est facilitée lorsque la sonde est fixée sur une puce à ADN, ou à un filtre haute densité.

L'utilisation de puces à ADN ou de filtres à haute densité permet en effet de déterminer l'expression de gènes dans un organisme présentant une séquence génomique proche de *L. monocytogenes* ou *innocua* et le typage de la souche en cause.

10 La séquence génomique de *L. innocua* et les séquences partielles de *L. monocytogenes* 4b, complétées par l'identification des gènes de ces organismes, telles que présentées dans la présente invention, servent de base à la construction de ces puces à ADN ou filtre.

La préparation de ces filtres ou puces consiste à synthétiser des oligonucléotides,
15 correspondant aux extrémités 5' et 3' des gènes ou à des fragments plus internes pour amplifier des fragments d'une taille adaptée, par exemple comprise environ entre 300 et 800 bases. Ces oligonucléotides sont choisis en utilisant la séquence génomique et ses annotations divulguées par la présente invention. La température d'appariement des ces oligonucléotides aux places correspondantes sur l'ADN doit être approximativement la
20 même pour chaque oligonucleotide. Ceci permet de préparer des fragments d'ADN correspondant à chaque gène par l'utilisation de conditions de PCR appropriées dans un environnement hautement automatisé. Les fragments amplifiés sont ensuite immobilisés sur des filtres ou des supports en verre, silicium ou polymères synthétiques et ces milieux sont utilisés pour l'hybridation.

25 La disponibilité de tels filtres et/ou puces et de la séquence génomique correspondante annotée permet d'étudier l'expression de grands ensembles, voire de la totalité des gènes dans les micro-organismes associés à *Listeria innocua* et *L. monocytogenes* 4b, en préparant les ADN complémentaires, et en les hybridant à l'ADN ou aux oligonucléotides immobilisés sur les filtres ou les puces. De même, les filtres
30 et/ou les puces permettent d'étudier la variabilité des souches ou des espèces, en préparant l'ADN de ces organismes et en les hybridant à l'ADN ou aux oligonucléotides immobilisés sur les filtres ou les puces.

Les différences entre les séquences génomiques des différentes souches ou espèces peuvent grandement affecter l'intensité de l'hybridation et, par conséquent,

perturber l'interprétation des résultats. Il peut donc être nécessaire d'avoir la séquence précise des gènes de la souche que l'on souhaite étudier. La méthode de détection des gènes décrite plus loin en détail, impliquant la détermination de la séquence de fragments aléatoires d'un génome, et les organisant d'après la séquence du génome complet de *L. innocua* et *L. monocytogenes* 4b divulgué dans la présente invention, peut être très utile.

Les séquences nucléotidiques selon l'invention peuvent être utilisées dans des puces à ADN pour effectuer l'analyse de mutations. Cette analyse repose sur la constitution de puces capables d'analyser chaque base d'une séquence nucléotidique selon l'invention. On pourra notamment à cette fin mettre en œuvre les techniques de micro-séquençage sur puce à ADN. Les mutations sont détectées par extension d'amorces immobilisées hybridant à la matrice des séquences analysées, juste en position adjacente de celle du nucléotide muté recherché. Une matrice simple-brin, ARN ou ADN, des séquences à analyser sera avantageusement préparée selon des méthodes classiques, à partir de produits amplifiés selon les techniques de type PCR. Les matrices d'ADN simple brin, ou d'ARN ainsi obtenues sont alors déposées sur la puce à ADN, dans des conditions permettant leur hybridation spécifique aux amorces immobilisées. Une polymérase thermostable, par exemple la Tth ou la Taq ADN polymérase, étend spécifiquement l'extrémité 3' de l'amorce immobilisée avec un analogue de nucléotide marqué complémentaire du nucléotide en position du site variable ; par exemple, un cyclage thermique est réalisé en présence des didéoxyribonucléotides fluorescents. Les conditions expérimentales seront adaptées notamment aux puces employées, aux amorces immobilisées, aux polymérases employées, et au système de marquage choisi. Un avantage du micro-séquençage, par rapport aux techniques basées sur l'hybridation de sondes, est qu'il permet d'identifier tous les nucléotides variables avec une discrimination optimale dans des conditions de réactions homogènes; utilisé sur des puces à ADN, il permet une résolution et une spécificité optimales pour la détection routinière et industrielle de mutations en multiplex.

L'utilisation des filtres à haute densité et/ou des puces permet ainsi d'obtenir des connaissances nouvelles sur la régulation des gènes dans les organismes d'importance industrielle, et en particulier les *listeria* propagées dans diverses conditions. Elle permet aussi une identification rapide des différences entre les génomes des souches utilisées dans de multiples applications industrielles.

En outre, une puce à ADN ou un filtre peut être un outil extrêmement intéressant pour la détermination, la détection et/ou l'identification d'un micro-organisme. Ainsi, on préfère également les puces à ADN selon l'invention qui contiennent en outre au moins une séquence nucléotidique d'un micro-organisme autre que *Listeria monocytogenes* 4b ou *Listeria innocua*, immobilisée sur le support de ladite puce. De préférence, le micro-organisme choisi l'est parmi les bactéries du genre *Listeria* (ci-après désignées comme bactéries associées à *L. monocytogenes*), ou les variants de *Listeria monocytogenes* EGD-e.

Une puce à ADN ou un filtre selon l'invention est un élément très utile de certains kits ou nécessaires pour la détection et/ou l'identification de micro-organismes, en particulier les bactéries appartenant à l'espèce *Listeria monocytogenes* ou les micro-organismes associés, également objets de l'invention.

Par ailleurs, les puces à ADN ou les filtres selon l'invention, contenant des sondes ou amorces spécifiques de *Listeria innocua* ou *monocytogenes*, sont des éléments très avantageux de kits ou nécessaires pour la détection et/ou la quantification de l'expression de gènes de *Listeria innocua* ou *monocytogenes* (ou de micro-organismes associés).

En effet, le contrôle de l'expression des gènes est un point critique pour optimiser la croissance et le rendement d'une souche, soit en permettant l'expression d'un ou plusieurs gènes nouveaux, soit en modifiant l'expression de gènes déjà présents dans la cellule. La présente invention fournit l'ensemble des séquences naturellement actives chez *L. innocua* permettant l'expression des gènes. Elle permet ainsi la détermination de l'ensemble des séquences exprimées chez *L. innocua*. Elle fournit également un outil permettant de repérer les gènes dont l'expression suit un schéma donné. Pour réaliser cela, l'ADN de tout ou partie des gènes de *L. innocua* et *monocytogenes* peut être amplifié grâce à des amorces selon l'invention, puis fixé à un support comme par exemple le verre ou le nylon ou une puce à ADN, afin de construire un outil permettant de suivre le profil d'expression de ces gènes. Cet outil, constitué de ce support contenant les séquences codantes sert de matrice d'hybridation à un mélange de molécules marquées reflétant les ARN messagers exprimés dans la cellule (en particulier les sondes marquées selon l'invention). En répétant cette expérience à différents instants et en combinant l'ensemble de ces données par un traitement approprié, on obtient alors les profils d'expression de l'ensemble de ces gènes. La connaissance des séquences qui suivent un schéma de régulation donné peut aussi être

mise à profit pour rechercher de manière dirigée, par exemple par homologie, d'autres séquences suivant globalement, mais de manière légèrement différente le même schéma de régulation. En complément, il est possible d'isoler chaque séquence de contrôle présente en amont des segments servant de sondes et d'en suivre l'activité à l'aide de
5 moyen approprié comme un gène rapporteur (luciférase, β -galactosidase, GFP). Ces séquences isolées peuvent ensuite être modifiées et assemblées par ingénierie métabolique avec des séquences d'intérêt en vue de leur expression optimale.

L'invention concerne également les polypeptides codés par une séquence nucléotidique selon l'invention, de préférence, par un fragment représentatif des
10 séquences précédentes et correspondant à une séquence ORF. En particulier, les polypeptides de *Listeria innocua* codés par les séquences SEQ ID No. 12 à SEQ ID No. 689, SEQ ID Nos. 2042 et 2043, SEQ ID Nos. 2047 et 2048, SEQ ID Nos. 2053 à 2056 et SEQ ID Nos. 2059 à 2601, notamment par SEQ ID Nos. 2059 à 2601, ou ceux de *Listeria monocytogenes* EGDe, caractérisés en ce qu'ils sont choisis parmi les
15 polypeptides codés par les séquences SEQ ID No. 690 à SEQ ID No. 1067, SEQ ID No. 2049 à SEQ ID No. 2052 et SEQ ID Nos. 2602 à 2871, notamment parmi SEQ ID Nos. 2602 à 2871, ou ceux encore de *Listeria monocytogenes* 4b, caractérisés en ce qu'ils sont choisis parmi les polypeptides codés par les séquences SEQ ID No. 3892 à SEQ ID No. 4025, sont objet de l'invention.

20 L'invention comprend également les polypeptides caractérisés en ce qu'ils comprennent un polypeptide choisi parmi :

- a) un polypeptide selon l'invention ;
- b) un polypeptide présentant au moins 80 % de préférence 85 %, 90 %, 95 % et 98 % d'identité avec un polypeptide selon l'invention ;
- 25 c) un fragment d'au moins 5 acides aminés d'un polypeptide selon l'invention, ou tel que défini en b) ;
- d) un fragment biologiquement actif d'un polypeptide selon l'invention, ou tel que défini en b) ou c) ; et
- e) un polypeptide selon l'invention, ou tel que défini en b), c) ou d) modifié.

30 Les séquences nucléotidiques codant pour les polypeptides décrits précédemment sont également objet de l'invention.

Dans la présente description, les termes polypeptides, séquences polypeptidiques, peptides et protéines sont interchangeables. Le terme polypeptide comprend toute séquence d'acides aminés permettant de générer une réponse anticorps.

Il doit être compris que l'invention ne concerne pas les polypeptides sous forme naturelle, c'est-à-dire qu'ils ne sont pas pris dans leur environnement naturel. En revanche, elle concerne ceux qui ont pu être isolés ou obtenus par purification à partir de sources naturelles, ou bien obtenus par recombinaison génétique, ou par synthèse chimique, et qu'ils peuvent alors comporter des acides aminés non naturels comme cela sera décrit plus loin.

Par polypeptide présentant un certain pourcentage d'identité avec un autre, que l'on désignera également par polypeptide homologue, on entend désigner les polypeptides présentant par rapport aux polypeptides naturels, certaines modifications, en particulier une délétion, addition ou substitution d'au moins un acide aminé, une troncation, un allongement, une solution chimérique et/ou une mutation, ou les polypeptides présentant des modifications post-traductionnelles. Parmi les polypeptides homologues, on préfère ceux dont la séquence d'acides aminés présentent au moins 80 %, de préférence 85 %, 90 %, 95 % et 98 % d'homologie avec les séquences d'acides aminés des polypeptides selon l'invention. Dans le cas d'une substitution, un ou plusieurs acide(s) aminé(s) consécutif(s) ou non consécutif(s) sont remplacés par des acides aminés « équivalents ». L'expression « acides aminés équivalents » vise ici à désigner tout acide aminé susceptible d'être substitué à l'un des acides aminés de la structure de base sans cependant modifier essentiellement les activités biologiques des peptides correspondant telles qu'elles seront définies par la suite.

Ces acides aminés équivalents peuvent être déterminés soit en s'appuyant sur leur homologie de structure avec les acides aminés auxquels ils se substituent, soit sur des résultats d'essais comparatifs d'activité biologique entre les différents polypeptides susceptibles d'être effectués.

A titre d'exemple, on mentionne les possibilités de substitution susceptibles d'être effectuées sans qu'il résulte en une modification approfondie de l'activité biologique du polypeptide modifié correspondant. On peut remplacer ainsi la leucine par la valine ou l'isoleucine, l'acide aspartique par l'acide glutamine, la glutamine par l'asparagine, l'arginine par la lysine, etc., les substitutions inverses étant naturellement envisageables dans les mêmes conditions.

Les polypeptides homologues correspondent également aux polypeptides codés par les séquences nucléotidiques homologues ou identiques, telles que définies précédemment et comprennent ainsi dans la présente définition des polypeptides mutés ou correspondant à des variations inter ou intra espèces, pouvant exister chez *Listeria*, et
5 qui correspondent notamment à des troncatures, substitutions, délétions et/ou additions, d'au moins un résidu d'acides aminés.

Il est entendu que l'on calcule le pourcentage d'identité entre deux polypeptides de la même façon qu'entre deux séquences d'acides nucléiques. Ainsi, le pourcentage d'identité entre deux polypeptides est calculé après alignement optimal de ces deux
10 séquences, sur une fenêtre d'homologie maximale. Pour définir ladite fenêtre d'homologie maximale, on peut utiliser les mêmes algorithmes que pour les séquences d'acide nucléique.

Par fragment biologiquement actif d'un polypeptide selon l'invention, on entend désigner en particulier un fragment de polypeptide, tel que défini ci-après, présentant au
15 moins une des caractéristiques biologiques des polypeptides selon l'invention, notamment en ce qu'il est capable d'exercer de manière générale une activité même partielle, tel que par exemple :

- une activité enzymatique (métabolique) ou une activité pouvant être impliquée dans la biosynthèse ou la biodégradation de composés organiques ou
20 inorganiques ;
- une activité structurelle (enveloppe cellulaire, molécule chaperonne, ribosome) ;
- une activité de transport (d'énergie, d'ion) ; ou dans la sécrétion de protéine ;
- une activité dans le processus de réplication, amplification, préparation,
25 transcription, traduction ou maturation, notamment de l'ADN, de l'ARN ou des protéines.

Par fragment de polypeptide selon l'invention, on entend désigner un polypeptide comportant au minimum 5 acides aminés, de préférence 10, 15, 25, 50, 100 et 150 acides aminés.

30 Les fragments de polypeptides peuvent correspondre à des fragments isolés ou purifiés naturellement présents dans les souches de *Listeria*, ou à des fragments qui peuvent être obtenus par clivage dudit polypeptide par une enzyme protéolitique telle que la trypsine ou la chymotrypsine ou la collagénase, par un réactif chimique (bromure de cyanogène, CNBr) ou en plaçant ledit polypeptide dans un environnement très acide

(par exemple à pH = 2,5). Des fragments polypeptidiques peuvent également être préparés par synthèse chimique, à partir d'hôtes transformés par un vecteur d'expression selon l'invention qui contiennent un acide nucléique permettant l'expression dudit fragment, et placé sous le contrôle des éléments de régulation et/ou d'expression appropriés.

5 Par « polypeptide modifié » d'un polypeptide selon l'invention, on entend désigner un polypeptide obtenu par recombinaison génétique ou par synthèse chimique comme décrit plus loin, qui présente au moins une modification par rapport à la séquence normale. Ces modifications peuvent être notamment portées sur des acides aminés nécessaires pour la spécificité ou l'efficacité de l'activité, ou à l'origine de la conformation structurale, de la charge, ou de l'hydrophobicité du polypeptide selon l'invention. On peut ainsi créer des polypeptides d'activité équivalente, augmentée ou diminuée, ou de spécificité équivalente, plus étroite ou plus large. Parmi les polypeptides modifiés, il faut citer les polypeptides dans lesquels jusqu'à cinq acides aminés peuvent être modifiés, tronqués à l'extrémité N ou C-terminale, ou bien délétés, ou ajoutés.

15 Comme cela est indiqué, les modifications d'un polypeptide ont pour objectif notamment :

- 20 - de permettre sa mise en œuvre dans des procédés de biosynthèse ou de biodégradation de composés organiques ou inorganiques,
- de permettre sa mise en œuvre dans des procédés de réplication, d'amplification, de réparation et règle de transcription, de traduction, ou de maturation notamment de l'ADN, l'ARN, ou de protéines,
- de permettre sa sécrétion améliorée,
- 25 - de modifier sa solubilité, l'efficacité ou la spécificité de son activité, ou encore de faciliter sa purification.

La synthèse chimique présente également l'avantage de pouvoir utiliser des acides aminés non naturels ou des liaisons non peptidiques. Ainsi, il peut être intéressant d'utiliser des acides aminés non naturels, par exemple sous forme D, ou des analogues d'acides aminés, notamment des formes souffrées.

30 La présente invention fournit la séquence nucléotidique du génome de *Listeria innocua* et la séquence partielle de *Listeria monocytogenes* sérotype 4b, ainsi que certaines séquences polypeptidiques.

D'une manière préférée, l'invention est relative à une séquence nucléotidique selon l'invention, caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide de *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b ou un de ses fragments impliqué dans la biosynthèse des acides aminés.

- 5 De manière préférée, l'invention est relative à une séquence nucléotidique selon l'invention, caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide de *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b ou un de ses fragments impliqué dans la biosynthèse des cofacteurs, groupes prosthétiques et transporteurs.

- 10 De manière préférée, l'invention est relative à une séquence nucléotidique selon l'invention, caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide d'enveloppe cellulaire ou présent à la surface de *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b ou pour un de ses fragments.

- 15 De manière préférée, l'invention est relative à une séquence nucléotidique selon l'invention, caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide de *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b ou un de ses fragments impliqué dans la machinerie cellulaire.

De manière préférée, l'invention est relative à une séquence nucléotidique selon l'invention, caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide de *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b ou un de ses fragments impliqué dans le métabolisme intermédiaire central.

- 20 De manière préférée, l'invention est relative à une séquence nucléotidique selon l'invention, caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide de *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b ou un de ses fragments impliqué dans le métabolisme énergétique.

- 25 De manière préférée, l'invention est relative à une séquence nucléotidique selon l'invention, caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide de *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b ou un de ses fragments impliqué dans le métabolisme des acides gras et des phospholipides.

- 30 De manière préférée, l'invention est relative à une séquence nucléotidique selon l'invention, caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide de *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b ou un de ses fragments impliqué dans le métabolisme des nucléotides, des purines, des pyrimidines ou nucléosides.

De manière préférée, l'invention est relative à une séquence nucléotidique selon l'invention, caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide de *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b ou un de ses fragments impliqué dans les fonctions de régulation.

De manière préférée, l'invention est relative à une séquence nucléotidique selon l'invention, caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide de *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b ou un de ses fragments impliqué dans le processus de réplication.

De manière préférée, l'invention est relative à une séquence nucléotidique selon
5 l'invention, caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide de *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b ou un de ses fragments impliqué dans le processus de transcription.

De manière préférée, l'invention est relative à une séquence nucléotidique selon l'invention, caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide de *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b ou un de ses fragments impliqué dans le processus de traduction.

10 De manière préférée, l'invention est relative à une séquence nucléotidique selon l'invention, caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide de *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b ou un de ses fragments impliqué dans le processus de transport et de liaison des protéines.

De manière préférée, l'invention est relative à une séquence nucléotidique selon
15 l'invention, caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide de *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b ou un de ses fragments impliqué dans l'adaptation aux conditions atypiques.

De manière préférée, l'invention est relative à une séquence nucléotidique selon l'invention, caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide de *Listeria innocua* ou
20 *monocytogenes* 4b ou un de ses fragments dans la sensibilité aux médicaments et analogues.

De manière préférée, l'invention est relative à une séquence nucléotidique selon l'invention, caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide de *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b ou un de ses fragments impliqué dans les fonctions relatives aux
25 transposons.

De manière préférée, l'invention est relative à une séquence nucléotidique selon l'invention, caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide spécifique de *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b ou un de ses fragments.

Sous un autre aspect, de manière préférée, l'invention a pour objet un
30 polypeptide selon l'invention, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b ou un de ses fragments impliqué dans la biosynthèse des acides aminés.

Sous un autre aspect, de manière préférée, l'invention a pour objet un polypeptide selon l'invention, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de *Listeria*

innocua ou *monocytogenes* 4b ou un de ses fragments impliqué dans la biosynthèse des cofacteurs, groupes prosthétiques et transporteurs.

5 Sous un autre aspect, de manière préférée, l'invention a pour objet un polypeptide selon l'invention, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide d'enveloppe cellulaire ou de surface de *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b ou un de ses fragments.

10 Sous un autre aspect, de manière préférée, l'invention a pour objet un polypeptide selon l'invention, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b ou un de ses fragments impliqué dans la machinerie cellulaire.

15 Sous un autre aspect, de manière préférée, l'invention a pour objet un polypeptide selon l'invention, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b ou un de ses fragments impliqué dans le métabolisme intermédiaire central.

20 Sous un autre aspect, de manière préférée, l'invention a pour objet un polypeptide selon l'invention, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b ou un de ses fragments impliqué dans le métabolisme énergétique.

25 Sous un autre aspect, de manière préférée, l'invention a pour objet un polypeptide selon l'invention, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b ou un de ses fragments impliqué dans le métabolisme des acides gras et des phospholipides.

30 Sous un autre aspect, de manière préférée, l'invention a pour objet un polypeptide selon l'invention, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b ou un de ses fragments impliqué dans le métabolisme des nucléotides, des purines, des pyrimidines ou nucléosides.

 Sous un autre aspect, de manière préférée, l'invention a pour objet un polypeptide selon l'invention, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b ou un de ses fragments impliqué dans les fonctions de régulation.

 Sous un autre aspect, de manière préférée, l'invention a pour objet un polypeptide selon l'invention, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b ou un de ses fragments impliqué dans le processus de réplication.

Sous un autre aspect, de manière préférée, l'invention a pour objet un polypeptide selon l'invention, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b ou un de ses fragments impliqué dans le processus de transcription.

- 5 Sous un autre aspect, de manière préférée, l'invention a pour objet un polypeptide selon l'invention, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b ou un de ses fragments impliqué dans le processus de traduction.

- 10 Sous un autre aspect, de manière préférée, l'invention a pour objet un polypeptide selon l'invention, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b ou un de ses fragments impliqué dans le processus de transport et de liaison des protéines.

- 15 Sous un autre aspect, de manière préférée, l'invention a pour objet un polypeptide selon l'invention, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b ou un de ses fragments impliqué dans l'adaptation aux conditions atypiques.

- 20 Sous un autre aspect, de manière préférée, l'invention a pour objet un polypeptide selon l'invention, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b ou un de ses fragments dans la sensibilité aux médicaments et analogues.

- 25 Sous un autre aspect, de manière préférée, l'invention a pour objet un polypeptide selon l'invention, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b ou un de ses fragments impliqué dans les fonctions relatives aux transposons.

- 30 Sous un autre aspect, de manière préférée, l'invention a pour objet un polypeptide selon l'invention, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide spécifique de *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b ou un de ses fragments.

- 30 Il est important de noter toutefois qu'un organisme vivant est un tout et doit être pris comme tel. Ainsi, afin de pouvoir se développer et exhiber ses propriétés, tout organisme a besoin d'interactions entre les différentes voies métaboliques. Ainsi, la classification énoncée ci-dessus ne doit pas être considérée comme limitative, un gène pouvant être impliqué dans deux voies métaboliques distinctes.

La présente invention a également pour objet les séquences nucléotidiques et/ou de polypeptides selon l'invention, caractérisées en ce que lesdites séquences sont

enregistrées sur un support d'enregistrement dont la forme et la nature facilitent la lecture, l'analyse et/ou l'exploitation de ladite ou desdites séquence(s). Ces supports peuvent également contenir d'autres informations extraites de la présente invention, notamment les analogies avec des séquences déjà connues, et/ou des informations

5 concernant les séquences nucléotidiques et/ou de polypeptides d'autres micro-organismes afin de faciliter l'analyse comparative et l'exploitation des résultats obtenus.

Parmi cesdits supports d'enregistrement, on préfère en particulier les supports lisibles par un ordinateur, tels les supports magnétiques, optiques, électriques ou hybrides, en particulier les disquettes informatiques, les CD-ROM, les serveurs

10 informatiques. De tels supports d'enregistrement sont également objet de l'invention.

Les supports d'enregistrement selon l'invention, avec les informations apportées, sont très utiles pour le choix d'amorces ou de sondes nucléotidiques pour la détermination de gènes dans *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b ou souches proches de cet organisme. De même, l'utilisation de ces supports pour l'étude du

15 polymorphisme génétique de souches proches de *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b, en particulier par la détermination des régions de colinéarité, est très utile dans la mesure où ces supports fournissent non seulement la séquence nucléotidique du génome de *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b, mais également l'organisation génomique dans ladite séquence. Ainsi, les utilisations de supports d'enregistrement selon

20 l'invention sont également des objets de l'invention.

L'analyse d'homologie entre différentes séquences s'effectue en effet avantageusement à l'aide de logiciels de comparaison de séquences, tels le logiciel Blast, ou les logiciels de la trousse GCG, décrits précédemment.

L'invention vise également les vecteurs de clonage et/ou d'expression, qui

25 contiennent une séquence nucléotidique selon l'invention.

Les vecteurs selon l'invention comportent de préférence des éléments qui permettent l'expression et/ou la sécrétion des séquences nucléotidiques dans une cellule hôte déterminée.

Le vecteur doit alors comporter un promoteur, des signaux d'initiation et de

30 terminaison de la traduction, ainsi que des régions appropriées de régulation de la transcription. Il doit pouvoir être maintenu de façon stable dans la cellule hôte et peut éventuellement posséder des signaux particuliers qui spécifient la sécrétion de la protéine traduite. Ces différents éléments sont choisis et optimisés par l'homme du métier en fonction de l'hôte cellulaire utilisé. A cet effet, les séquences nucléotidiques

selon l'invention peuvent être insérées dans des vecteurs à réplication autonome au sein de l'hôte choisi, ou être des vecteurs intégratifs de l'hôte choisi.

De tels vecteurs sont préparés par des méthodes couramment utilisées par l'homme du métier, et les clones résultant peuvent être introduits dans un hôte approprié
5 par des méthodes standards, telles que la lipofection, l'électroporation, le choc thermique, ou des méthodes chimiques.

Les vecteurs selon l'invention sont par exemple des vecteurs d'origine plasmidique ou virale. Ils sont utiles pour transformer des cellules hôtes afin de cloner ou d'exprimer les séquences nucléotidiques selon l'invention.

10 L'invention comprend également les cellules hôtes transformées par un vecteur selon l'invention.

L'hôte cellulaire peut être choisi parmi des systèmes procaryotes ou eucaryotes, par exemple les cellules bactériennes mais également les cellules de levure ou les cellules animales, en particulier les cellules de mammifères. On peut également utiliser
15 des cellules d'insectes ou des cellules de plantes. Les cellules hôtes préférées selon l'invention sont en particulier les cellules procaryotes, de préférence les bactéries appartenant au genre *Listeria*, à l'espèce *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b, ou les micro-organismes associés à l'espèce *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b. L'invention concerne également les végétaux et les animaux, excepté l'homme, qui
20 comprennent une cellule transformée selon l'invention. Les cellules transformées selon l'invention sont utilisables dans des procédés de préparation de polypeptides recombinants selon l'invention. Les procédés de préparation d'un polypeptide selon l'invention sous forme recombinante, caractérisés en ce qu'ils mettent en œuvre un vecteur et/ou une cellule transformée par un vecteur selon l'invention sont eux-mêmes
25 compris dans la présente invention. De préférence, on cultive une cellule transformée par un vecteur selon l'invention dans des conditions qui permettent l'expression dudit polypeptide et on récupère ledit peptide recombinant.

Ainsi qu'il a été dit, l'hôte cellulaire peut être choisi parmi des systèmes procaryotes ou eucaryotes. En particulier, il est possible d'identifier des séquences
30 nucléotidiques selon l'invention, facilitant la sécrétion dans un tel système procaryote ou eucaryote. Un vecteur selon l'invention portant une telle séquence peut donc être avantageusement utilisé pour la production de protéines recombinantes, destinées à être sécrétées. En effet, la purification de ces protéines recombinantes d'intérêt sera facilitée

par le fait qu'elles sont présentes dans le surnageant de la culture cellulaire plutôt qu'à l'intérieur des cellules hôtes.

On peut également préparer les polypeptides selon l'invention par synthèse chimique. Un tel procédé de préparation est également un objet de l'invention.

5 L'homme du métier connaît les procédés de synthèse chimique, par exemple les techniques mettant en œuvre des phases solides (voir notamment Steward et al., 1984, Solid phase peptides synthesis, Pierce Chem. Company, Rockford, 111, 2ème éd., (1984)) ou des techniques utilisant des phases solides partielles, par condensation de fragments ou par une synthèse en solution classique. Les polypeptides obtenus par

10 synthèse chimique et pouvant comporter des acides aminés non naturels correspondant sont également compris dans l'invention.

L'invention est en outre relative à des polypeptides hybrides présentant au moins un polypeptide ou un de ses fragments selon l'invention, et une séquence d'un polypeptide susceptible d'induire une réponse immunitaire chez l'homme ou l'animal.

15 Avantageusement, le déterminant antigénique est tel qu'il est susceptible d'induire une réponse humorale et/ou cellulaire.

Un tel déterminant pourra comprendre un polypeptide ou un de ses fragments selon l'invention sous forme glycosylée utilisé en vue d'obtenir des compositions immunogènes susceptibles d'induire la synthèse d'anticorps dirigés contre des épitopes

20 multiples. Lesdits polypeptides ou leurs fragments glycosylés font également partie de l'invention.

Ces molécules hybrides peuvent être constituées en partie d'une molécule porteuse de polypeptides ou de leurs fragments selon l'invention, associée à une partie éventuellement immunogène, en particulier un épitope de la toxine diphtérique, la

25 toxine tétanique, un antigène de surface du virus de l'hépatite B (brevet FR 79 21811), l'antigène VP1 du virus de la poliomyélite ou toute autre toxine ou antigène viral ou bactérien.

Les procédés de synthèse des molécules hybrides englobent les méthodes utilisées en génie génétique pour construire des séquences nucléotidiques hybrides

30 codant pour les séquences polypeptidiques recherchées. On pourra, par exemple, se référer avantageusement à la technique d'obtention de gènes codant pour des protéines de fusion décrite par Minton en 1984.

Lesdites séquences nucléotidiques hybrides codant pour un polypeptide hybride ainsi que les polypeptides hybrides selon l'invention caractérisés en ce qu'il s'agit de

polypeptides recombinants obtenus par l'expression desdites séquences nucléotidiques hybrides, font également partie de l'invention.

5 L'invention comprend également les vecteurs caractérisés en ce qu'ils contiennent une desdites séquences nucléotidiques hybrides. Les cellules hôtes transformées par lesdits vecteurs, les animaux transgéniques comprenant une desdites cellules transformées ainsi que les procédés de préparation de polypeptides recombinants utilisant lesdits vecteurs, lesdites cellules transformées et/ou lesdits animaux transgéniques font également partie de l'invention.

10 Le couplage entre un polypeptide selon l'invention et un polypeptide immunogène, peut être effectué par voie chimique, ou par voie biologique. Ainsi, selon l'invention, il est possible d'introduire un ou plusieurs élément(s) de liaison, notamment des acides aminés pour faciliter les réactions de couplage entre le polypeptide selon l'invention, et le polypeptide immunostimulateur, le couplage covalent de l'antigène immunostimulateur pouvant être réalisé à l'extrémité N ou C-terminale du polypeptide
15 selon l'invention. Les réactifs bifonctionnels permettant ce couplage sont déterminés en fonction de l'extrémité choisie pour réaliser ce couplage, et les techniques de couplage sont bien connues de l'homme du métier.

Les conjugués issus d'un couplage de peptides peuvent être également préparés par recombinaison génétique. Le peptide hybride (conjugué) peut en effet être produit
20 par des techniques d'ADN recombinant, par insertion ou addition à la séquence d'ADN codant pour le polypeptide selon l'invention, d'une séquence codant pour le ou les peptide(s) antigène(s), immunogène(s) ou haptène(s). Ces techniques de préparation de peptides hybrides par recombinaison génétique sont bien connues de l'homme du métier (voir par exemple Makrides, 1996, Microbiological Reviews 60, 512-538).

25 De préférence, ledit polypeptide immunitaire est choisi dans le groupe des peptides contenant les anatoxines, notamment le toxoïde diphtérique ou le toxoïde tétanique, les protéines dérivées du Streptocoque (comme la protéine de liaison à la séralbumine humaine), les protéines membranaires OMPA et les complexes de protéines de membranes externes, les vésicules de membranes externes ou les protéines
30 de chocs thermiques.

Les polypeptides hybrides selon l'invention sont très utiles pour obtenir des anticorps monoclonaux ou polyclonaux, capables de reconnaître spécifiquement les polypeptides selon l'invention. En effet, un polypeptide hybride selon l'invention permet la potentiation de la réponse immunitaire, contre le polypeptide selon l'invention

couplé à la molécule immunogène. De tels anticorps monoclonaux ou polyclonaux, leurs fragments, ou les anticorps chimériques, reconnaissant les polypeptides selon l'invention, sont également objets de l'invention.

Les anticorps monoclonaux spécifiques peuvent être obtenus selon la méthode classique de culture d'hybridome décrite par Köhler et Milstein (1975, Nature 256, 495).

Les anticorps selon l'invention sont par exemple des anticorps chimériques, des anticorps humanisés, des fragments Fab, ou F(ab')². Ils peuvent également se présenter sous forme d'immunoconjugués ou d'anticorps marqués afin d'obtenir un signal détectable et/ou quantifiable.

Ainsi, les anticorps selon l'invention peuvent être employés dans un procédé pour la détection et/ou l'identification de bactéries appartenant à l'espèce *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b ou à un micro-organisme associé dans un échantillon biologique, caractérisé en ce qu'il comprend les étapes suivantes :

- a) mise en contact de l'échantillon biologique avec un anticorps selon l'invention ;
- b) mise en évidence du complexe antigène-anticorps éventuellement formé.

Les anticorps selon la présente invention sont également utilisables afin de détecter une expression d'un gène de *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b ou de micro-organismes associés. En effet, la présence du produit d'expression d'un gène reconnu par un anticorps spécifique dudit produit d'expression peut être détectée par la présence d'un complexe antigène-anticorps formé après la mise en contact de la souche de *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b ou du micro-organisme associé avec un anticorps selon l'invention. La souche bactérienne utilisée peut avoir été « préparée », c'est-à-dire centrifugée, lysée, placée dans un réactif approprié pour la constitution du milieu propice à la réaction immunologique. En particulier, on préfère un procédé de détection de l'expression dans le gène, correspondant à un Western blot, pouvant être effectué après une électrophorèse sur gel de polyacrylamide d'un lysat de la souche bactérienne, en présence ou en l'absence de conditions réductrices (SDS-PAGE). Après migration et séparation des protéines sur le gel de polyacrylamide, on transfère lesdites protéines sur une membrane appropriée (par exemple en nylon) et on détecte la présence de la protéine ou du polypeptide d'intérêt, par mise en contact de ladite membrane avec un anticorps selon l'invention.

Ainsi, la présente invention comprend également les kits ou nécessaires pour la mise en œuvre d'un procédé tel que décrit (de détection de l'expression d'un gène de *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b ou d'un micro-organisme associé, ou pour la détection et/ou l'identification de bactéries appartenant à l'espèce *Listeria innocua* ou

5 *monocytogenes* 4b ou un micro-organisme associé), comprenant les éléments suivants :

- a) un anticorps polyclonal ou monoclonal selon l'invention ;
 - b) éventuellement, les réactifs pour la constitution du milieu propice à la réaction immunologique ;
 - c) éventuellement, les réactifs permettant la mise en évidence des complexes
- 10 antigène-anticorps produits par la réaction immunologique.

Les polypeptides et les anticorps selon l'invention peuvent avantageusement être immobilisés sur un support, notamment une puce à protéines. Une telle puce à protéines est un objet de l'invention, et peut également contenir au moins un polypeptide d'un micro-organisme autre que *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b ou un anticorps

15 dirigé contre un composé d'un micro-organisme autre que *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b.

Les puces à protéines ou filtres à haute densité contenant des protéines selon l'invention peuvent être construits de la même manière que les puces à ADN selon l'invention. En pratique, on peut effectuer la synthèse des polypeptides directement

20 fixés sur la puce à protéines, ou effectuer une synthèse *ex situ* suivie d'une étape de fixation sur ladite puce du polypeptide synthétisé. Cette dernière méthode est préférable, lorsque l'on désire fixer des protéines de taille importante sur le support, ces protéines étant avantageusement préparées par génie génétique. Toutefois, si l'on ne désire fixer que des peptides sur le support de ladite puce, il peut être plus intéressant de procéder à

25 la synthèse desdits peptides directement *in situ*.

Les puces à protéines selon l'invention peuvent être avantageusement utilisées dans des kits ou nécessaires pour la détection et/ou l'identification de bactéries associées à l'espèce *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b ou à un micro-organisme, ou de façon plus générale dans des kits ou nécessaires pour la détection et/ou

30 l'identification de micro-organismes. Lorsque l'on fixe les polypeptides selon l'invention sur les puces à ADN, on recherche la présence d'anticorps dans les échantillons testés, la fixation d'un anticorps selon l'invention sur le support de la puce à protéines permettant l'identification de la protéine dont ledit anticorps est spécifique.

De préférence, on fixe un anticorps selon l'invention sur le support de la puce à protéines, et on détecte la présence de l'antigène correspondant, spécifique de *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b ou d'un micro-organisme associé.

Une puce à protéines ci-dessus décrite peut être utilisée pour la détection de produits de gènes, pour établir un profil d'expression desdits gènes, en complément d'une puce à ADN selon l'invention.

Les puces à protéines selon l'invention sont également extrêmement utiles pour les expériences de protéomique, qui étudie les interactions entre les différentes protéines d'un micro-organisme donné. De façon simplifiée, on fixe des peptides représentatifs des différentes protéines d'un organisme sur un support. Puis, on met ledit support en contact avec des protéines marquées, et après une étape optionnelle de rinçage, on détecte des interactions entre lesdites protéines marquées et les peptides fixés sur la puce à protéines.

Ainsi, les puces à protéines comprenant une séquence polypeptidique selon l'invention ou un anticorps selon l'invention sont objet de l'invention, ainsi que les kits ou nécessaires les contenant.

La présente invention couvre également un procédé de détection et/ou d'identification de bactéries appartenant à l'espèce *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b ou à un micro-organisme associé dans un échantillon biologique, qui met en œuvre une séquence nucléotidique selon l'invention.

Il doit être entendu que le terme échantillon biologique concerne dans la présente invention les échantillons prélevés à partir d'un organisme vivant (en particulier sang, tissus, organes ou autres prélevés à partir d'un mammifère) ou un échantillon contenant du matériel biologique, c'est-à-dire de l'ADN ou de l'ARN. Un tel échantillon biologique comprend aussi les compositions alimentaires contenant des bactéries (par exemple les fromages, les produits laitiers), mais également des compositions alimentaires contenant des levures (bières, pains) ou autres. Le terme échantillon biologique concerne aussi les bactéries isolées à partir de ces prélèvements ou compositions alimentaires.

Le procédé de détection et/ou d'identification mettant en œuvre les séquences nucléotidiques selon l'invention peut être de diverse nature.

On préfère un procédé comportant les étapes suivantes :

a) éventuellement, isolement de l'ADN à partir de l'échantillon biologique à analyser, ou obtention d'un ADNc à partir de l'ARN de l'échantillon biologique ;

b) amplification spécifique de l'ADN de bactéries appartenant à l'espèce *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b ou à un micro-organisme associé à l'aide d'au moins une amorce selon l'invention ;

c) mise en évidence des produits d'amplification.

5 Ce procédé est basé sur l'amplification spécifique de l'ADN, en particulier par une réaction d'amplification en chaîne.

On préfère également un procédé comprenant les étapes suivantes :

10 a) mise en contact d'une sonde nucléotidique selon l'invention avec un échantillon biologique, l'acide nucléique contenu dans l'échantillon biologique ayant, le cas échéant, préalablement été rendu accessible à l'hybridation, dans des conditions permettant l'hybridation de la sonde à l'acide nucléique d'une bactérie appartenant à l'espèce *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b ou à un micro-organisme associé ;

b) mise en évidence de l'hybride éventuellement formé entre la sonde nucléotidique et l'ADN de l'échantillon biologique.

15 Un tel procédé ne doit pas être limité à la détection de la présence de l'ADN contenu dans l'échantillon biologique à tester, il peut être également mis en œuvre pour détecter l'ARN contenu dans ledit échantillon. Ce procédé englobe en particulier les Southern et Northern blot.

Un autre procédé préféré selon l'invention comprend les étapes suivantes :

20 a) mise en contact d'une sonde nucléotidique immobilisée sur un support selon l'invention avec un échantillon biologique, l'acide nucléique de l'échantillon, ayant, le cas échéant, été préalablement rendu accessible à l'hybridation, dans des conditions permettant l'hybridation de la sonde à l'acide nucléique d'une bactérie appartenant à l'espèce *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b ou à un micro-organisme associé ;

25 b) mise en contact de l'hybride formé entre la sonde nucléotidique immobilisée sur un support et l'acide nucléique contenu dans l'échantillon biologique, le cas échéant après élimination de l'ADN de l'échantillon biologique n'ayant pas hybridé avec la sonde, avec une sonde nucléotidique marquée selon l'invention ;

c) mise en évidence du nouvel hybride formé à l'étape b).

30 Ce procédé est avantageusement utilisé avec une puce à ADN selon l'invention, l'acide nucléique recherché s'hybridant avec une sonde présente à la surface de ladite puce, et étant détecté par l'utilisation d'une sonde marquée. Ce procédé est avantageusement mis en œuvre en combinant une étape préalable d'amplification de

l'ADN ou de l'ADN complémentaire obtenu éventuellement par transcription inverse, à l'aide d'amorces selon l'invention.

Ainsi, la présente invention englobe également les kits ou nécessaires pour la détection et/ou l'identification de bactéries appartenant à l'espèce *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b ou à un micro-organisme associé, caractérisé en ce qu'il comprend les éléments suivants :

- a) une sonde nucléotidique selon l'invention ;
- b) éventuellement, les réactifs nécessaires à la mise en œuvre d'une réaction d'hybridation ;
- 10 c) éventuellement, au moins une amorce selon l'invention ainsi que les réactifs nécessaires à une réaction d'amplification de l'ADN.

De même, la présente invention englobe également les kits ou nécessaires pour la détection et/ou l'identification de bactéries appartenant à l'espèce *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b ou à un micro-organisme associé, caractérisé en ce qu'il comprend les éléments suivants :

- a) une sonde nucléotidique, dite sonde de capture, selon l'invention;
- b) une sonde oligonucléotidique, dite sonde de révélation, selon l'invention ;
- c) éventuellement, au moins une amorce selon l'invention ainsi que les réactifs nécessaires à une réaction d'amplification de l'ADN.

Enfin, les kits ou nécessaires pour la détection et/ou l'identification de bactéries appartenant à l'espèce *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b ou à un micro-organisme associé, caractérisé en ce qu'il comprend les éléments suivants :

- a) au moins une amorce selon l'invention ;
- b) éventuellement, les réactifs nécessaires pour effectuer une réaction d'amplification d'ADN ;

25 c) éventuellement, un composant permettant de vérifier la séquence du fragment amplifié, plus particulièrement une sonde oligonucléotidique selon l'invention, sont également objets de la présente invention.

De préférence, lesdites amorces et/ou sondes et/ou polypeptides et/ou anticorps selon la présente invention utilisés dans les procédés et/ou kits ou nécessaires selon la présente invention sont choisis parmi les amorces et/ou sondes et/ou polypeptides et/ou anticorps spécifiques de l'espèce *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b. De manière préférée, ces éléments sont choisis parmi les séquences nucléotidiques codant pour une

protéine sécrétée, parmi les polypeptides sécrétés, ou parmi les anticorps dirigés contre des polypeptides sécrétés de *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b.

La présente invention a également pour objet les souches de *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b et/ou de micro-organismes associés contenant une ou plusieurs mutation(s) dans une séquence nucléotidique selon l'invention, en particulier une
5 séquence ORF, ou leurs éléments régulateurs (en particulier promoteurs).

On préfère, selon la présente invention, les souches de *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b présentant une ou plusieurs mutation(s) dans les séquences nucléotidiques codant pour des polypeptides impliqués dans la machinerie cellulaire, en
10 particulier la sécrétion, le métabolisme intermédiaire central, le métabolisme énergétique, les processus de synthèse des acides aminés, de transcription et de traduction, de synthèse des polypeptides.

Lesdites mutations peuvent mener à une inactivation du gène, ou en particulier lorsqu'elles sont situées dans les éléments régulateurs dudit gène, à une surexpression
15 de celui-ci.

L'invention concerne en outre l'utilisation d'une séquence nucléotidique selon l'invention, d'un polypeptide selon l'invention, d'un anticorps selon l'invention, d'une cellule selon l'invention, et/ou d'un animal transformé selon l'invention, pour la sélection de composé organique ou inorganique capable de moduler, de réguler,
20 d'induire ou d'inhiber l'expression de gènes, et/ou de modifier la réplication cellulaire de cellules eucaryotes ou procaryotes ou capables d'induire, d'inhiber ou d'aggraver les pathologies liées à une infection par *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b ou un de ses micro-organismes associés.

L'invention comprend également une méthode de sélection de composés
25 capables de se lier à un polypeptide ou un de ses fragments selon l'invention, capables de se lier à une séquence nucléotidique selon l'invention, ou capable de reconnaître un anticorps selon la revendication, et/ou capables de moduler, de réguler, d'induire ou d'inhiber l'expression de gènes, et/ou de modifier la croissance ou la réplication cellulaire de cellules eucaryotes ou procaryotes, ou capables d'induire, d'inhiber ou
30 d'aggraver chez un organisme animal ou humain les pathologies liées à une infection par *Listeria*, par exemple par *L. monocytogenes* 4b, ou un de ses micro-organismes associés, caractérisée en ce qu'elle comprend les étapes suivantes :

a) mise en contact dudit composé avec ledit polypeptide, ladite séquence nucléotidique, avec une cellule transformée selon l'invention et/ou administration dudit composé à un animal transformé selon l'invention ;

5 b) détermination de la capacité dudit composé à se lier avec ledit polypeptide ou ladite séquence nucléotidique, ou de moduler, de réguler, d'induire ou d'inhiber l'expression de gènes, ou de moduler la croissance ou la réplication cellulaire, ou d'induire, d'inhiber ou d'aggraver chez ledit animal transformé les pathologies liées à une infection par *Listeria*, par exemple *L. monocytogenes* 4b ou un de ses micro-organismes associés.

10 Les cellules et/ou les animaux transformés selon l'invention, pourront avantageusement servir de modèle et être utilisés dans des procédés pour étudier, identifier et/ou sélectionner des composés susceptibles d'être responsables de pathologies induites ou aggravées par *Listeria monocytogenes*, ou susceptibles de prévenir et/ou de traiter ces pathologies. En particulier, les cellules hôtes transformées, 15 notamment les bactéries de la famille des *Listeria* dont la transformation par un vecteur selon l'invention peut par exemple accroître ou inhiber son pouvoir infectieux, ou moduler les pathologies habituellement induites ou aggravées par l'infection, pourront être utilisées pour infecter des animaux dont on suivra l'apparition des pathologies. Ces animaux non transformés, infectés par exemple avec des bactéries *Listeria* transformées, 20 pourront servir de modèle d'étude. De la même manière, les animaux transformés selon l'invention pourront être utilisés dans des procédés de sélection de composés susceptibles de prévenir et/ou de traiter les maladies dues à *Listeria*. Lesdits procédés utilisant lesdites cellules transformées et/ou animaux transformés, font partie de l'invention.

25 Les composés susceptibles d'être sélectionnés peuvent être des composés organiques tels que des polypeptides ou hydrates de carbone ou tous autres composés organiques ou inorganiques déjà connus, ou des composés organiques nouveaux élaborés à partir de techniques de modélisation moléculaire et obtenus par synthèse chimique ou biochimique, ces techniques étant connues de l'homme de l'art.

30 Lesdits composés sélectionnés pourront être utilisés pour moduler la croissance et/ou la réplication cellulaire de *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b ou tout autre micro-organisme associé et ainsi pour contrôler l'infection par ces micro-organismes. Lesdits composés selon l'invention pourront également être utilisés pour moduler la croissance et/ou la réplication cellulaire de toutes cellules eucaryotes ou procaryotes,

notamment les cellules tumorales et les micro-organismes infectieux, pour lesquelles lesdits composés s'avéreront actifs, les méthodes permettant de déterminer lesdites modulations étant bien connues de l'homme de l'art.

5 On entend désigner par composé capable de moduler la croissance d'un micro-organisme tout composé permettant d'intervenir, de modifier, de limiter et/ou de réduire le développement, la croissance, la vitesse de prolifération et/ou la viabilité dudit micro-organisme.

10 Cette modulation peut être réalisée par exemple par un agent capable de se lier à une protéine et ainsi d'inhiber ou de potentialiser son activité biologique, ou capable de se lier à une protéine membranaire de la surface extérieure d'un micro-organisme et de bloquer la pénétration dudit micro-organisme dans la cellule hôte ou de favoriser l'action du système immunitaire de l'organisme infecté dirigé à l'encontre dudit micro-organisme. Cette modulation peut être également réalisée par un agent capable de se lier à une séquence nucléotidique d'un ADN ou ARN d'un micro-organisme et de bloquer
15 par exemple l'expression d'un polypeptide dont l'activité biologique ou structurale est nécessaire à la croissance ou à la reproduction dudit micro-organisme.

On entend désigner par micro-organisme associé dans la présente invention, tout micro-organisme dont l'expression de gène peut être modulée, régulée, induite ou inhibée, ou dont la croissance ou la réplication cellulaire peut être également modulée
20 par un composé de l'invention. On entend désigner également par micro-organisme associé dans la présente invention, tout micro-organisme comportant des séquences nucléotidiques ou des polypeptides selon l'invention. Ces micro-organismes peuvent dans certains cas comporter des polypeptides ou des séquences nucléotidiques identiques ou homologues à celles de l'invention et pourront également être détectés
25 et/ou identifiés par les procédés ou kit de détection et/ou d'identification selon l'invention et également servir de cible pour les composés de l'invention. On entend aussi désigner par micro-organisme tout micro-organisme *Listeria monocytogenes* de tout sérotype.

30 L'invention concerne les composés susceptibles d'être sélectionnés par une méthode de sélection selon l'invention.

L'invention concerne également une composition pharmaceutique comprenant un composé choisi parmi les composés suivants :

- a) une séquence nucléotidique selon l'invention ;
- b) un polypeptide selon l'invention ;

- c) un vecteur selon l'invention ;
- d) un anticorps selon l'invention ; et
- e) un composé susceptible d'être sélectionné par une méthode de sélection selon l'invention, éventuellement en association avec un véhicule pharmaceutiquement acceptable.

On entend désigner par quantité efficace, une quantité suffisante dudit composé ou anticorps, ou de polypeptide de l'invention, permettant de moduler la croissance de *Listeria innocua* ou *monocytogenes* 4b ou d'un micro-organisme associé.

- 10 L'invention concerne aussi une composition pharmaceutique selon l'invention pour la prévention ou le traitement d'une infection par une bactérie appartenant au genre *Listeria* ou par un micro-organisme associé.

L'invention vise en outre une composition immunogène et/ou vaccinale, caractérisée en ce qu'elle comprend un ou plusieurs polypeptides selon l'invention et/ou un ou plusieurs polypeptides hybrides selon l'invention.

- 15 L'invention comprend aussi l'utilisation d'une cellule transformée selon l'invention, pour la préparation d'une composition vaccinale.

L'invention vise également une composition vaccinale, caractérisée en ce qu'elle contient une séquence nucléotidique selon l'invention, un vecteur selon l'invention et/ou une cellule transformée selon l'invention.

- 20 L'invention concerne également les compositions vaccinales selon l'invention, pour la prévention ou le traitement d'une infection par une bactérie appartenant au genre *Listeria* ou par un micro-organisme associé.

- 25 De manière préférée, les compositions immunogènes et/ou vaccinales selon l'invention destinées à la prévention et/ou au traitement d'infection par *Listeria* ou par un micro-organisme associé seront choisies parmi les compositions immunogènes et/ou vaccinales comprenant un polypeptide ou un de ses fragments correspondant à une protéine, ou un de ses fragments, de l'enveloppe cellulaire de *Listeria*. Les compositions vaccinales comprenant des séquences nucléotidiques comprendront de préférence également des séquences nucléotidiques codant pour un polypeptide ou un de ses fragments correspondant à une protéine, ou un de ses fragments, de l'enveloppe cellulaire de *Listeria*.

Les polypeptides de l'invention ou leurs fragments entrant dans les compositions immunogènes selon l'invention peuvent être sélectionnés par des techniques connues de l'homme de l'art comme par exemple sur la capacité desdits polypeptides à stimuler les

cellules T, qui se traduit par exemple par leur prolifération ou la sécrétion d'interleukines, et qui aboutit à la production d'anticorps dirigés contre lesdits polypeptides.

Chez la souris, chez laquelle une dose pondérale de la composition vaccinale comparable à la dose utilisée chez l'homme est administrée, la réaction anticorps est testée par prélèvement du sérum suivi d'une étude de la formation d'un complexe entre les anticorps présents dans le sérum et l'antigène de la composition vaccinale, selon les techniques usuelles.

Selon l'invention, lesdites compositions vaccinales seront de préférence en association avec un véhicule pharmaceutiquement acceptable et, le cas échéant, avec un ou plusieurs adjuvants de l'immunité appropriés.

Aujourd'hui, divers types de vaccins sont disponibles pour protéger l'homme contre des maladies infectieuses : micro-organismes vivants atténués (*M. bovis* - BCG pour la tuberculose), micro-organismes inactivés (virus de la grippe), des extraits acellulaires (*Bordetella pertussis* pour la coqueluche), protéines recombinées (antigène de surface du virus de l'hépatite B), des polysides (pneumocoques). Des vaccins préparés à partir de peptides de synthèse ou de micro-organismes génétiquement modifiés exprimant des antigènes hétérologues sont en cours d'expérimentation. Plus récemment encore, des ADNs plasmidiques recombinés portant des gènes codant pour des antigènes protecteurs ont été proposés comme stratégie vaccinale alternative. Ce type de vaccination est réalisé avec un plasmide particulier dérivant d'un plasmide de *E. coli* qui ne se réplique pas *in vivo* et qui code uniquement pour la protéine vaccinante. Des animaux ont été immunisés en injectant simplement l'ADN plasmidique nu dans le muscle. Cette technique conduit à l'expression de la protéine vaccinale *in situ* et à une réponse immunitaire de type cellulaire (CTL) et de type humoral (anticorps). Cette double induction de la réponse immunitaire est l'un des principaux avantages de la technique de vaccination avec de l'ADN nu.

Les compositions vaccinales comprenant des séquences nucléotidiques ou des vecteurs dans lesquels sont insérées lesdites séquences, sont notamment décrites dans la demande internationale N° WO 90/11092 et également dans la demande internationale N° WO 95/11307.

La séquence nucléotidique constitutive de la composition vaccinale selon l'invention peut être injectée à l'hôte après avoir été couplée à des composés qui favorisent la pénétration de ce polynucléotide à l'intérieur de la cellule ou son transport

jusqu'au noyau cellulaire. Les conjugués résultants peuvent être encapsulés dans des microparticules polymères, comme décrit dans la demande internationale N° WO 94/27238 (Medisorb Technologies International).

5 Selon un autre mode de réalisation de la composition vaccinale selon l'invention, la séquence nucléotidique, de préférence un ADN, est complexée avec du DEAE-dextran, avec des protéines nucléaires, avec des lipides ou encapsulée dans des liposomes ou encore introduite sous la forme d'un gel facilitant sa transfection dans les cellules. Le polynucléotide ou le vecteur selon l'invention peut aussi être en suspension dans une solution tampon ou être associé à des liposomes.

10 Avantageusement, un tel vaccin sera préparé conformément à la technique décrite par Tacson et al. ou Huygen et al. en 1996 ou encore conformément à la technique décrite par Davis et al. dans la demande internationale N° WO 95/11307.

Un tel vaccin peut être également préparé sous la forme d'une composition contenant un vecteur selon l'invention, placée sous le contrôle d'éléments de régulation permettant son expression chez l'homme ou l'animal. On pourra par exemple utiliser, en tant que vecteur d'expression *in vivo* de l'antigène polypeptidique d'intérêt, le plasmide pcDNA3 ou le plasmide pcDNA1/neo, tous les deux commercialisés par Invitrogen (R & D Systems, Abingdon, Royaume-Uni). Un tel vaccin comprendra avantageusement, outre le vecteur recombinant, une solution saline, par exemple une solution de chlorure de sodium.

15
20

On entend désigner par véhicule pharmaceutiquement acceptable, un composé ou une combinaison de composés entrant dans une composition pharmaceutique ou vaccinale ne provoquant pas de réactions secondaires et qui permet par exemple la facilitation de l'administration du composé actif, l'augmentation de sa durée de vie et/ou de son efficacité dans l'organisme, l'augmentation de sa solubilité en solution ou encore l'amélioration de sa conservation. Ces véhicules pharmaceutiquement acceptables sont bien connus et seront adaptés par l'homme de l'art en fonction de la nature et du mode d'administration du composé actif choisi.

25

En ce qui concerne les formulations vaccinales, celles-ci peuvent comprendre des adjuvants de l'immunité appropriés qui sont connus de l'homme de l'art, comme par exemple l'hydroxyde d'aluminium, un représentant de la famille des muramyl peptides comme un des dérivés peptidiques du N-acétyl-muramyl, un lysat bactérien, ou encore l'adjuvant incomplet de Freund.

30

De préférence, ces composés seront administrés par voie systémique, en particulier par voie intraveineuse, par voie intramusculaire, intradermique ou sous-cutanée, ou par voie orale. De manière plus préférée, la composition vaccinale comprenant des polypeptides selon l'invention, sera administrée à plusieurs reprises, de manière étalée dans le temps, par voie intradermique ou sous-cutanée.

Leurs modes d'administration, posologies et formes galéniques optimaux peuvent être déterminés selon les critères généralement pris en compte dans l'établissement d'un traitement adapté à un patient comme par exemple l'âge ou le poids corporel du patient, la gravité de son état général, la tolérance au traitement et les effets secondaires constatés.

Enfin, l'invention comprend l'utilisation d'une composition selon l'invention, pour le traitement ou la prévention de maladies induites ou aggravées par la présence de *Listeria*.

Par ailleurs, la présente invention a également pour objet une banque d'ADN génomique d'une bactérie du genre *Listeria*, de manière préférée, *Listeria innocua* ou *monocytogenes*, de manière préférée la souche 4b.

Les banques d'ADN génomique décrites dans la présente invention, en particulier la banque Li-shotgun déposée à la CNCM le 2 Octobre 2000 sous le numéro d'ordre n° I-2565 et la banque Lmb4b-shotgun déposée à la CNCM le 2 Octobre 2000 sous le numéro d'ordre n° I-2566, recouvrent en effet respectivement le génome de *Listeria innocua* et *Listeria monocytogenes* 4b. Toutefois, bien que certaines régions n'aient pas pu être clonées dans ladite banque, en raison de problèmes de létalités chez *Escherichia coli*, ces régions peuvent facilement être amplifiées et identifiées par l'homme du métier, en utilisant des oligonucléotides spécifiques des séquences des extrémités des différents clones qui forment les contigs.

La présente invention concerne également les méthodes pour l'isolement d'un polynucléotide d'intérêt présent chez une souche de *Listeria* et absente chez une autre souche, qui utilise au moins une banque d'ADN basée par exemple sur un plasmide pcDNA2.1 contenant le génome de *Listeria*. La méthode selon l'invention pour l'isolement d'un polynucléotide d'intérêt peut comprendre les étapes suivantes :

- a) isoler au moins un polynucléotide contenu dans un clone de la banque d'ADN d'origine de *Listeria*,
- b) isoler :

- au moins un polynucléotide génomique ou ADNc d'une *listeria*, ladite *listeria* appartenant à une souche différente de la souche utilisée pour la construction de la banque d'ADN de l'étape a) ou, de façon alternative,

5 - au moins un polynucléotide contenu dans un clone d'une banque d'ADN préparé à partir du génome d'une *Listeria* qui est différente de la *Listeria* utilisée pour la construction de la banque d'ADN de l'étape a) ;

c) hybrider le polynucléotide de l'étape a) au polynucléotide de l'étape b) ;

d) sélectionner les polynucléotides de l'étape a) qui n'ont pas formé de complexe d'hybridation avec les polynucléotides de l'étape b) ;

10 e) caractériser le polynucléotide sélectionné.

On peut préparer le polynucléotide de l'étape a) par la digestion d'au moins un clone recombinant avec une enzyme de restriction appropriée, et de façon optionnelle, l'amplification de l'insert polynucléotide qui en résulte.

15 Ainsi, la méthode de l'invention permet à l'homme du métier d'effectuer des études génomiques comparatives entre les différentes souches ou espèces du genre *Listeria*, par exemple entre les souches pathogéniques et leurs équivalents non pathogènes.

En particulier, il est possible d'étudier et de déterminer les régions de polymorphisme entre lesdites souches.

20

EXEMPLES

1. Construction des banques

L'ADN chromosomique des souches étudiées a été préparé par une méthode classique incluant un traitement à la protéinase K et une extraction au phénol (Jacquet, 25 C., et al., Zentralbl Bakteriол., 276:356-365, 1992). Environ 10 ug d'ADN ont été cassés par nébulisation (1 minute sous une pression de 1 bar) (Buchrieser, C., et al., Infect. Immun., 67:4851-4861, 1999). Les extrémités des fragments d'ADN ont été rendues franches en faisant agir la DNA-polymerase du bactériophage T4 pendant 15 minutes à 37°C en présence des 4 nucléotides tri-phosphate. L'enzyme a été inactivée par une incubation de 15 mn à 75°C. Des adaptateurs (invitrogen Cat. N° 408-18) ont ensuite 30 été ligaturés à ces extrémités. Après ligature, les fragments d'ADN chromosomiques ayant une taille entre 1000 et 3000 paires de bases ont été purifiés après électrophorèse sur gel d'agarose. Le vecteur utilisé pour la construction de la banque, pcDNA2.1 (Invitrogen), a été digéré par l'enzyme BstX1 et purifié par geneclen (BIO-101) après

électrophorèse sur gel d'agarose. L'ADN chromosomique et le vecteur purifié ont été ligaturés par action de la ligase du bactériophage T4. Le mélange de ligation a été introduit par transformation dans la souche d'*Escherichia coli* XL2-blue (Stratagene). Environ 4000 colonies sont obtenues par μ l du mélange de ligation.

- 5 Ce procédé est utilisé pour construire la banque Li-shotgun déposée à la CNCM le 2 Octobre 2000 sous le n° I-2565 pour la souche *Listeria innocua* (CLIP 11262) et la banque Lm4b-shotgun déposée à la CNCM le 2 Octobre 2000 sous le n° I-2566 pour la souche *Listeria monocytogenes* sérotype 4b (CLIP 80459).

2. Préparation des plasmides et séquençage

- 10 Les plasmides ont été préparés par une méthode semi-automatique de préparation développée au laboratoire GMP (Génomique des Micro-organismes Pathogènes de l'Institut Pasteur) basé sur la méthode de lyse alcaline (Birnboim, H. C., Methods Enzymol., 100:243-255, 1983). Les inserts chromosomiques ont été séquencés à partir de leurs deux extrémités en utilisant les primer T7 et universel en suivant les
- 15 recommandations du fournisseur (PE-biosystems). Les séquences ont été déterminées en utilisant des séquenceurs automatiques de type 377 et 3700 (PE-Biosystem).

3. Assemblage des séquences

- Les séquences ont été assemblées en utilisant l'ensemble de logiciels développé à l'Université de Washington, Phred, Phrap et Consed (Ewing, B., et al., Genome Res.,
- 20 8:186-194, 1998 ; Gordon, D., et al., Genome Res., 8:195-202, 1998). La finition de la séquence a été réalisée en utilisant l'ensemble de logiciel GMPTB (Frangeul, L., et al., Microbiology, 145:2625-2634, 1999). L'étape de finition correspond au reséquençage des régions où la séquence est peu sûr et le séquençage des régions situées entre les contigs. Elle a été réalisée soit en séquençant des produits de PCR soit en marchant sur
- 25 les clones de la banque. Les séquences des oligonucleotides ont été définies en utilisant les logiciels consed et Primo (Gordon, D., et al., 1998 ; Li, P., et al., Genomics, 40:476-485, 1997).

4. Annotation des séquences

- L'identification des phases codantes (CDS) a été réalisée en utilisant l'ensemble
- 30 de logiciels GMPTB. Ce programme combine les résultats de différentes méthodes : (i) l'identification de phases ouvertes de lecture et leur tri en fonction de leur taille, (ii) l'analyse de la probabilité d'être codant en utilisant le logiciel Genemark (Lukashin, A. V., et al., Nucleic Acids Res., 15:1107-1115, 1998), (iii) l'identification d'un début de traduction (codon d'initiation et séquence de fixation du ribosome), (iv) similarité de la

séquence protéique déduite avec les séquences protéiques contenues dans les banques de séquence en utilisant le logiciel BLASTP.

Les fonctions des protéines codées par les phases codantes identifiées ont été prédites par l'analyse des résultats de recherche de similarités dans les banques en utilisant le logiciel BLASTP (Altschul, S. F., et al., Nucleic Acids Research, 25:3389-402, 1997).

5. Comparaison des génomes

a) Identification des CDS spécifiques de la souche de *L. monocytogenes* EGDe et de la souche de *L. innocua*

L'ensemble des séquences protéiques déduites des phases codantes prédites de chaque génome a été comparé à l'ensemble des séquences protéiques possiblement codées par l'autre génome en utilisant le logiciel BLASTP. Un seuil de 75 % d'identité sur la totalité de la longueur de la protéine a été retenu pour identifier les protéines spécifiques d'un isolat. Cette valeur très élevée a été retenue car elle permet le mieux de discriminer les gènes orthologs des gènes paralogs (Fitch, W. S., Syst. Zool., 19:99-113, 1970). Pour les séquences protéiques pour lesquelles la conservation de séquence est élevée (> à 70 %) la conservation des séquences nucléotidiques des gènes sera elle aussi élevée et pourrait donner un signal dans des conditions d'hybridation peu stringente. Il sera nécessaire de tenir compte de cette éventualité dans l'analyse du résultat du test.

b) Identification des CDS spécifiques de la souche *L. monocytogenes* de sérotype 4b par rapport à la souche *L. monocytogenes* EGDe et la souche *L. innocua*

Les régions chromosomiques de la souche *L. monocytogenes* de sérotype 4b qui sont absentes des souches *L. monocytogenes* EGDe et *L. innocua* ont été identifiées en utilisant le Package Crossmatch/Phrap (Phil Green, University of Washington, Seattle, unpublished). Ces logiciels permettent d'assembler des séquences nucléotidiques (Phrap) en masquant toutes les séquences ou parties de séquence similaires à une ou plusieurs séquences de référence (Crossmatch). Les séquences de référence utilisées étaient : la séquence complète du génome de *L. monocytogenes* EGD, la séquence complète du génome de *L. innocua* et la séquence de son plasmide. L'identification par Crossmatch des régions qui seront masquées est basée sur la recherche de mots de 11 lettres identiques entre la séquence analysée et les séquences de référence et l'extension de ces mots en utilisant les paramètres par défaut du logiciel. Plus d'information sur les logiciels Crossmatch et Phrap sont disponibles sur le site web : <http://bozeman.mbt.washington.edu/>.

6. Exemples d'annotations

6.1. Gènes spécifique de *L. monocytogenes*. Il n'y a pas de similarité significative entre la séquence nucléotidique du gène de *L. monocytogenes* et le génome de *L. innocua*.

5

Tableau I

ID du gène de <i>L. monocytogenes</i>	ID du gène de <i>L. innocua</i> (meilleur score)	% d'identité des séquences protéiques (% de la séquence)	% d'identité des séquences nucléotidiques
1814.1 SEQ ID No. 779	-	-	-
2601.1 SEQ ID No. 851	-	-	-
615.1 SEQ ID No. 1034	-	-	-
1713.1 SEQ ID No. 772	5385.1 SEQ ID No. 2042	25 % (100 %)	≤ 40 %
1656.1 SEQ ID No. 768	526.1 SEQ ID No. 684	36 % (50 %)	≤ 40 %
3477.1 SEQ ID No. 908	1614.1 SEQ ID No. 632	33 % (60 %)	≤ 40 %
3418.2 SEQ ID No. 904	1235.1 SEQ ID No. 2043	30 % (70 %)	≤ 40 %

6.2. Gènes spécifiques de *L. innocua*. Il n'y a pas de similarité significative entre
10 la séquence nucléotidique du gène de *L. innocua* et le génome de *L. monocytogenes*.

Tableau II

ID du gène de <i>L. innocua</i>	ID du gène de <i>L. monocytogenes</i> (meilleur score)	% d'identité des séquences protéiques	% d'identité des séquences nucléotidiques
1259.1 SEQ ID No. 689	-	-	-
3320.1 SEQ ID No. 527	-	-	-
1348.1 SEQ ID No. 596	1545.1 SEQ ID No. 2044	26% (70%)	≤ 40%
4232.1 SEQ ID No. 681	894.1 SEQ ID No. 2045	30% (90%)	≤ 40%
5550.1 SEQ ID No. 519	312.1 SEQ ID No. 2046	31% (60%)	≤ 40%
3320.1 SEQ ID No. 527	558.1 SEQ ID No. 1025	25% (50%)	≤ 40%

6.3. Gènes communs aux deux souches pour lesquels la similarité (identité) des séquences protéiques déduites est inférieur à 75 % et valeur de la similarité au niveau nucléotidique.

5 Tableau III

ID du gène de <i>L. monocytogenes</i>	ID du gène de <i>L. innocua</i> (meilleur score)	% d'identité des séquences protéiques (% de la séquence)	% d'identité des séquences nucléotidiques
1343 SEQ ID No. 727	36.1 SEQ ID No. 528	57 % (100 %)	67 %
725.1 SEQ ID No. 1046	1402.1 SEQ ID No. 2047	52 % (100 %)	60 %
1002.1 SEQ ID No. 690	1021.1 SEQ ID No. 666	50 % (100 %)	65 %
1974.3 SEQ ID No. 789	897.1 SEQ ID No. 2048	49 % (100 %)	58 %

6.4. Gènes communs à *L. monocytogenes* et *L. innocua*

Tableau IV

10

ID du gène de <i>L. monocytogenes</i>	ID du gène de <i>L. innocua</i> (meilleur score)	% d'identité des séquences protéiques (% de la séquence)	% d'identité des séquences nucléotidiques
1976.1 SEQ ID No. 2049	5481.1 SEQ ID No. 2053	88 % (100 %)	82 %
1979.1 SEQ ID No. 2050	5476.1 SEQ ID No. 2054	98 % (100 %)	86 %
1980.1 SEQ ID No. 2051	5474.1 SEQ ID No. 2055	84 % (100 %)	80 %
1983.1 SEQ ID No. 2052	5471.1 SEQ ID No. 2056	87 % (100 %)	79 %

TABLEAU V : Légendes

SEQ ID Nos. 1 – 11 : séquences nucléotidiques de 10 Contigs et 1 plasmide provenant de l'assemblage de *Listeria innocua*.

15 SEQ ID Nos. 12 – 689 : séquences nucléotidiques des protéines spécifiques de *L. innocua* (absentes de *L. monocytogenes*-EGD).

SEQ ID Nos. 690 – 1067 : séquences nucléotidiques des protéines spécifiques de *L. monocytogenes*-EGD (absentes de *L. innocua*).

20 SEQ ID Nos. 1068 – 2041 : séquences nucléotidiques de 974 contigs provenant de l'assemblage de *Listeria monocytogenes*-4b (1 231 537 bases).

SED ID Nos. 2042 – 2056 : séquences supplémentaires pour exemples d'annotation.

TABLEAU V

SEQ ID	Prot N°	Blastp result on non-redundant protein bank.		%
		homology /	Comments /	
SEQ ID N° 12	LI-1779.1		No Hits found	
SEQ ID N° 13	LI-4603.1		No Hits found	
SEQ ID N° 14	LI-4611.1		No Hits found	
SEQ ID N° 15	LI-6102.1		No Hits found	
SEQ ID N° 16	LI-738.2			
SEQ ID N° 17	LI-1983.1		No Hits found	
SEQ ID N° 18	LI-2952.1		No Hits found	
SEQ ID N° 19	LI-3070.1		No Hits found	
SEQ ID N° 20	LI-1237.1		No Hits found	
SEQ ID N° 21	LI-1718.1	56	emb CAB83919.1 (AL162753) hypothetical protein NMA0630 [Neisseria meningitidis] Length = 304	
SEQ ID N° 22	LI-1869.1		No Hits found	
SEQ ID N° 23	LI-1910.1		No Hits found	
SEQ ID N° 24	LI-3373.1	78	emb CAB53845.1 (AJ242593) gp55 [Bacteriophage A118] Length = 69	
SEQ ID N° 25	LI-372.1		No Hits found	
SEQ ID N° 26	LI-3727.1		No Hits found	
SEQ ID N° 27	LI-3807.1		No Hits found	
SEQ ID N° 28	LI-438.1		No Hits found	
SEQ ID N° 29	LI-4981.1		No Hits found	
SEQ ID N° 30	LI-4992.1		No Hits found	
SEQ ID N° 31	LI-6200.1			
SEQ ID N° 32	LI-1487.1		No Hits found	
SEQ ID N° 33	LI-1603.1		No Hits found	
SEQ ID N° 34	LI-2986.1		No Hits found	
SEQ ID N° 35	LI-3365.1	41	emb CAB53854.1 (AJ242593) gp64 [Bacteriophage A118] Length = 41	
SEQ ID N° 36	LI-5554.1		No Hits found	
SEQ ID N° 37	LI-5726.1		No Hits found	
SEQ ID N° 38	LI-1495.1		No Hits found	
SEQ ID N° 39	LI-2951.1		No Hits found	
SEQ ID N° 40	LI-2959.1		No Hits found	
SEQ ID N° 41	LI-5588.1		No Hits found	
SEQ ID N° 42	LI-5922.1		No Hits found	
SEQ ID N° 43	LI-6071.1		No Hits found	
SEQ ID N° 44	LI-6072.1		No Hits found	
SEQ ID N° 45	LI-2374.1		No Hits found	
SEQ ID N° 46	LI-2937.1	51	pir F70357 lipoprotein - Aquifex aeolicus gb AAC06844.1 (AE000700) lipoprotein [Aquifex aeolicus] Length = 349	
SEQ ID N° 47	LI-4114.1		No Hits found	
SEQ ID N° 48	LI-5780.1		No Hits found	
SEQ ID N° 49	LI-5706.1	65	emb CAB53820.1 (AJ242593) gp34 [Bacteriophage A118] Length = 72	
SEQ ID N° 50	LI-3139.1		No Hits found	
SEQ ID N° 51	LI-3800.1		No Hits found	
SEQ ID N° 52	LI-385.1		No Hits found	

SEQ ID N° 53	LI-5458.2		
SEQ ID N° 54	LI-5803.1		No Hits found
SEQ ID N° 55	LI-128.1		No Hits found
SEQ ID N° 56	LI-2428.1		No Hits found
SEQ ID N° 57	LI-3087.1		No Hits found
SEQ ID N° 58	LI-5915.1		No Hits found
SEQ ID N° 59	LI-6036.1		No Hits found
SEQ ID N° 60	LI-175.1		No Hits found
SEQ ID N° 61	LI-1816.1		No Hits found
SEQ ID N° 62	LI-2777.1	46	gb AAC36979.1 (L15633) [Conjugative transposon Tn916 (from <i>Enterococcus faecalis</i> , DS16), 3' end.], gene products [Transposon Tn916] gb AAB60027.1 (U09422) ORF8 [<i>Enterococcus faecalis</i>] prf 2114402V ORF 8 [<i>Enterococcus faecalis</i>]
SEQ ID N° 63	LI-2932.1		No Hits found
SEQ ID N° 64	LI-1611.1		No Hits found
SEQ ID N° 65	LI-2702.1		No Hits found
SEQ ID N° 66	LI-2989.1		No Hits found
SEQ ID N° 67	LI-4125.1		No Hits found
SEQ ID N° 68	LI-4628.1		No Hits found
SEQ ID N° 69	LI-5606.1		No Hits found
SEQ ID N° 70	LI-6148.2		
SEQ ID N° 71	LI-2237.1		No Hits found
SEQ ID N° 72	LI-6190.1		
SEQ ID N° 73	LI-4167.1		No Hits found
SEQ ID N° 74	LI-5459.2		
SEQ ID N° 75	LI-568.1		No Hits found
SEQ ID N° 76	LI-6191.1		
SEQ ID N° 77	LI-1368.1		No Hits found
SEQ ID N° 78	LI-1538.1		No Hits found
SEQ ID N° 79	LI-2694.1		No Hits found
SEQ ID N° 80	LI-678.1		No Hits found
SEQ ID N° 81	LI-2181.1		No Hits found
SEQ ID N° 82	LI-3662.1		No Hits found
SEQ ID N° 83	LI-6121.1		No Hits found
SEQ ID N° 84	LI-6163.1		No Hits found
SEQ ID N° 85	LI-1240.1		No Hits found
SEQ ID N° 86	LI-2030.1		No Hits found
SEQ ID N° 87	LI-3363.1		No Hits found
SEQ ID N° 88	LI-4294.1		No Hits found
SEQ ID N° 89	LI-5611.2		
SEQ ID N° 90	LI-6041.1		No Hits found
SEQ ID N° 91	LI-6162.1		No Hits found
SEQ ID N° 92	LI-1082.1		No Hits found
SEQ ID N° 93	LI-1928.1		No Hits found
SEQ ID N° 94	LI-2878.1	36	pir C72489 hypothetical protein APE2554 - <i>Aeropyrum pernix</i> (strain K1) dbj BAA81571.1 (AP000064) 105aa long hypothetical protein [<i>Aeropyrum pernix</i>] Length = 105
SEQ ID N° 95	LI-3676.1		No Hits found
SEQ ID N° 96	LI-4023.1		No Hits found

SEQ ID N° 97	LI-4475.1		No Hits found
SEQ ID N° 98	LI-5540.1		No Hits found
SEQ ID N° 99	LI-2946.1		No Hits found
SEQ ID N° 100	LI-2988.1		No Hits found
SEQ ID N° 101	LI-2990.1		No Hits found
SEQ ID N° 102	LI-439.1		No Hits found
SEQ ID N° 103	LI-5607.1		No Hits found
SEQ ID N° 104	LI-4005.1		No Hits found
SEQ ID N° 105	LI-4022.1		No Hits found
SEQ ID N° 106	LI-4683.1	31	gb AAA72562.1 (M15619) ORF 16-lacZ fusion protein [synthetic construct] Length = 68
SEQ ID N° 107	LI-4931.1		No Hits found
SEQ ID N° 108	LI-1139.1		No Hits found
SEQ ID N° 109	LI-3703.1	43	gb AAC97745.1 (AF063866) ORF MSV233 hypothetical protein [Melanoplus sanguinipes entomopoxvirus] Length = 92
SEQ ID N° 110	LI-6145.1		No Hits found
SEQ ID N° 111	LI-2179.1		No Hits found
SEQ ID N° 112	LI-3431.1		No Hits found
SEQ ID N° 113	LI-478.1		No Hits found
SEQ ID N° 114	LI-711.1		No Hits found
SEQ ID N° 115	LI-1092.1		No Hits found
SEQ ID N° 116	LI-2061.1		No Hits found
SEQ ID N° 117	LI-3990.1		No Hits found
SEQ ID N° 118	LI-4006.1		No Hits found
SEQ ID N° 119	LI-5373.1		No Hits found
SEQ ID N° 120	LI-5551.1	52	gb AAA32614.1 (L31364) holin [Bacteriophage Tuc2009] Length = 88
SEQ ID N° 121	LI-3362.1		No Hits found
SEQ ID N° 122	LI-4107.1		No Hits found
SEQ ID N° 123	LI-4121.1		No Hits found
SEQ ID N° 124	LI-5546.1		No Hits found
SEQ ID N° 125	LI-5548.1		No Hits found
SEQ ID N° 126	LI-5710.1	72	emb CAB53829.1 (AJ242593) gp40 [Bacteriophage A118] Length = 78
SEQ ID N° 127	LI-5957.1		No Hits found
SEQ ID N° 128	LI-6149.2		
SEQ ID N° 129	LI-1615.1		No Hits found
SEQ ID N° 130	LI-2926.1		No Hits found
SEQ ID N° 131	LI-3068.1		No Hits found
SEQ ID N° 132	LI-5560.1	59	sp P45937 YQCB_BACSU HYPOTHETICAL 10.4 KD PROTEIN IN SPOIIC-CWLA INTERGENIC REGION pir A69949 hypothetical protein yqcB - Bacillus subtilis dbj BAA06954.1 (D32216) ORF 130 [Bacillus subtilis] dbj BAA12418.1 (D84432) YqcB [Bacillus subtilis] emb CAB
SEQ ID N° 133	LI-6026.1		No Hits found
SEQ ID N° 134	LI-6098.1		No Hits found
SEQ ID N° 135	LI-2884.1		No Hits found

SEQ ID N° 136	LI-5567.1	57	sp P45933 YQBR_BACSU HYPOTHETICAL 9.5 KD PROTEIN IN SPOIIC-CWLA INTERGENIC REGION pir E69948 phage-related protein homolog yqbR - Bacillus subtilis dbj BAA06950.1 (D32216) ORF87 [Bacillus subtilis] dbj BAA12414.1 (D84432) YqbR [Bacillus subtilis]
SEQ ID N° 137	LI-5709.1		No Hits found
SEQ ID N° 138	LI-4219.1		No Hits found
SEQ ID N° 139	LI-5874.1		No Hits found
SEQ ID N° 140	LI-6101.1		No Hits found
SEQ ID N° 141	LI-943.1		No Hits found
SEQ ID N° 142	LI-3279.1		No Hits found
SEQ ID N° 143	LI-3551.1		No Hits found
SEQ ID N° 144	LI-4065.1	47	gb AAB23085.1 S43512_2 (S43512) orf2 immediately 5' to ejl [Bacteriophage EJ-1] Length = 85
SEQ ID N° 145	LI-4113.1	57	pir T09011 probable transposase TnpA - Streptococcus pyogenes (fragment) gb AAB92607.1 (AF026542) TnpA [Streptococcus pyogenes] Length = 364
SEQ ID N° 146	LI-5362.1		No Hits found
SEQ ID N° 147	LI-1694.1	63	pir F75297 hypothetical protein - Deinococcus radiodurans (strain R1) gb AAF11800.1 AE002057_8 (AE002057) hypothetical protein [Deinococcus radiodurans] Length = 133
SEQ ID N° 148	LI-4272.1		No Hits found
SEQ ID N° 149	LI-4674.1	63	pir F75297 hypothetical protein - Deinococcus radiodurans (strain R1) gb AAF11800.1 AE002057_8 (AE002057) hypothetical protein [Deinococcus radiodurans] Length = 133
SEQ ID N° 150	LI-5637.1		No Hits found
SEQ ID N° 151	LI-6188.1		No Hits found
SEQ ID N° 152	LI-1431.1		No Hits found
SEQ ID N° 153	LI-3567.1		No Hits found
SEQ ID N° 154	LI-3993.1		No Hits found
SEQ ID N° 155	LI-4194.1	71	gb AAD40364.1 (AF036485) putative transposase [Plasmid pNZ4000] Length = 226
SEQ ID N° 156	LI-5299.1		No Hits found
SEQ ID N° 157	LI-5570.1		No Hits found
SEQ ID N° 158	LI-1493.1		No Hits found
SEQ ID N° 159	LI-3374.1		No Hits found
SEQ ID N° 160	LI-3654.1		No Hits found
SEQ ID N° 161	LI-4040.1		No Hits found
SEQ ID N° 162	LI-4069.2		No Hits found
SEQ ID N° 163	LI-4088.1		No Hits found
SEQ ID N° 164	LI-6132.1		No Hits found
SEQ ID N° 165	LI-1533.1		No Hits found
SEQ ID N° 166	LI-5750.1		No Hits found
SEQ ID N° 167	LI-6127.1	55	pir A41902 arsenical resistance operon repressor - Staphylococcus xylosus plasmid pSX267 Length = 104
SEQ ID N° 168	LI-708.1		No Hits found
SEQ ID N° 169	LI-2517.1		No Hits found
SEQ ID N° 170	LI-1438.1		No Hits found
SEQ ID N° 171	LI-3307.1		No Hits found
SEQ ID N° 172	LI-4151.1		No Hits found

SEQ ID N° 173	LI-550.1		No Hits found
SEQ ID N° 174	LI-5573.1		No Hits found
SEQ ID N° 175	LI-2618.1		No Hits found
SEQ ID N° 176	LI-298.1		No Hits found
SEQ ID N° 177	LI-3652.1		No Hits found
SEQ ID N° 178	LI-5585.1		No Hits found
SEQ ID N° 179	LI-5707.1	44	gb AAC38975.1 (AF041330) NADH dehydrogenase subunit 5 [Bodo saltans] Length = 212
SEQ ID N° 180	LI-31.1		No Hits found
SEQ ID N° 181	LI-4041.1		No Hits found
SEQ ID N° 182	LI-4828.1		No Hits found
SEQ ID N° 183	LI-2188.1		No Hits found
SEQ ID N° 184	LI-5616.1		No Hits found
SEQ ID N° 185	LI-2350.1		No Hits found
SEQ ID N° 186	LI-269.1		No Hits found
SEQ ID N° 187	LI-329.1		No Hits found
SEQ ID N° 188	LI-3992.1		No Hits found
SEQ ID N° 189	LI-5409.1		No Hits found
SEQ ID N° 190	LI-6056.1		No Hits found
SEQ ID N° 191	LI-1183.1	49	sp P10023 YGI2_BACTU HYPOTHETICAL 30.3 KD PROTEIN (ORF 2) emb CAA31837.1 (X13481) ORF 2 [Bacillus thuringiensis] Length = 270
SEQ ID N° 192	LI-1282.1		No Hits found
SEQ ID N° 193	LI-2924.1		No Hits found
SEQ ID N° 194	LI-4020.1	57	gb AAD21914.1 (AF085222) unknown [Streptococcus thermophilus bacteriophage DT1] Length = 107
SEQ ID N° 195	LI-5642.1	54	sp P02909 PTLA_STAAU PTS SYSTEM, LACTOSE-SPECIFIC IIA COMPONENT (EIIA-LAC) (LACTOSE-PERMEASE IIA COMPONENT) (PHOSPHOTRANSFERASE ENZYME II, A COMPONENT) (EIII-LAC) gb AAA26648.1 (J03479) enzyme III-lac (lacF) [Staphylococcus aureus]
SEQ ID N° 196	LI-577.1		No Hits found
SEQ ID N° 197	LI-6012.1		No Hits found
SEQ ID N° 198	LI-3900.1		No Hits found
SEQ ID N° 199	LI-4195.1	91	pir S49318 transposase - Enterococcus hirae insertion sequence IS1216 emb CAA57312.1 (X81654) transposase [Enterococcus hirae] emb CAA48844.1 (X69092) transposase [Enterococcus hirae] Length = 226
SEQ ID N° 200	LI-443.1		No Hits found
SEQ ID N° 201	LI-4484.1		No Hits found
SEQ ID N° 202	LI-4869.1		No Hits found
SEQ ID N° 203	LI-5183.1	45	gb AAC38975.1 (AF041330) NADH dehydrogenase subunit 5 [Bodo saltans] Length = 212
SEQ ID N° 204	LI-2365.1	55	pir G72548 hypothetical protein APE1675 - Aeropyrum permix (strain K1) dbj BAA80676.1 (AP000062) 155aa long hypothetical protein [Aeropyrum permix] Length = 155
SEQ ID N° 205	LI-3400.1		No Hits found
SEQ ID N° 206	LI-3989.1	56	emb CAB53822.1 (AJ242593) putative repressor protein [Bacteriophage A118] Length = 101
SEQ ID N° 207	LI-4136.1		No Hits found
SEQ ID N° 208	LI-480.1		No Hits found

SEQ ID N° 209	LI-6104.1		No Hits found
SEQ ID N° 210	LI-1935.1		No Hits found
SEQ ID N° 211	LI-2169.1		No Hits found
SEQ ID N° 212	LI-4179.1	54	pir S38640 replication protein B - <i>Pediococcus halophilus</i> (ATCC 33315) (cryptic plasmid) emb CAA53279.1 (X75607) RepB [<i>Tetragenococcus halophilus</i>] prf 2207193B repB gene [<i>Tetragenococcus halophilus</i>] Length = 168
SEQ ID N° 213	LI-4533.1		No Hits found
SEQ ID N° 214	LI-5677.1	44	pir G72510 hypothetical protein APE2061 - <i>Aeropyrum permix</i> (strain K1) dbj BAA81071.1 (AP000063) 114aa long hypothetical protein [<i>Aeropyrum permix</i>] Length = 114
SEQ ID N° 215	LI-623.1		No Hits found
SEQ ID N° 216	LI-807.1		No Hits found
SEQ ID N° 217	LI-2866.1	40	ref NP_010291.1 Ydr008cp pir S70313 hypothetical protein YDR008c - yeast (<i>Saccharomyces cerevisiae</i>) Length = 116
SEQ ID N° 218	LI-3022.1	42	dbj BAA87194.1 (AB027890) Hypothetical protein [<i>Schizosaccharomyces pombe</i>] Length = 210
SEQ ID N° 219	LI-508.1		No Hits found
SEQ ID N° 220	LI-552.1		No Hits found
SEQ ID N° 221	LI-4086.1		No Hits found
SEQ ID N° 222	LI-4935.1		No Hits found
SEQ ID N° 223	LI-1312.1	30	pir H72754 hypothetical protein APE0029 - <i>Aeropyrum permix</i> (strain K1) dbj BAA78938.1 (AP000058) 138aa long hypothetical protein [<i>Aeropyrum permix</i>] Length = 138
SEQ ID N° 224	LI-2970.1		No Hits found
SEQ ID N° 225	LI-234.1	49	pir T31613 hypothetical protein Y50E8A.i - <i>Caenorhabditis elegans</i> Length = 836
SEQ ID N° 226	LI-1553.1		No Hits found
SEQ ID N° 227	LI-2935.1		No Hits found
SEQ ID N° 228	LI-2941.1		No Hits found
SEQ ID N° 229	LI-3325.1		No Hits found
SEQ ID N° 230	LI-4061.1		No Hits found
SEQ ID N° 231	LI-6086.1		No Hits found
SEQ ID N° 232	LI-2646.1	49	pir S72740 B1177_F1_12 protein - <i>Mycobacterium leprae</i> gb AAA17104.1 (U00011) p1177c; B1177_F1_12 [<i>Mycobacterium leprae</i>] Length = 219 *
SEQ ID N° 233	LI-3823.1	55	pir C72455 hypothetical protein APE2287 - <i>Aeropyrum permix</i> (strain K1) dbj BAA81299.1 (AP000064) 191aa long hypothetical protein [<i>Aeropyrum permix</i>] Length = 191
SEQ ID N° 234	LI-5622.1		No Hits found
SEQ ID N° 235	LI-1499.1	45	pir H72469 hypothetical protein APE2401 - <i>Aeropyrum permix</i> (strain K1) dbj BAA81416.1 (AP000064) 252aa long hypothetical protein [<i>Aeropyrum permix</i>] Length = 252
SEQ ID N° 236	LI-4044.1		No Hits found
SEQ ID N° 237	LI-4799.1	34	emb CAB57660.1 (Y18930) hypothetical protein [<i>Sulfolobus solfataricus</i>] Length = 108
SEQ ID N° 238	LI-1044.1		No Hits found
SEQ ID N° 239	LI-1247.1		No Hits found
SEQ ID N° 240	LI-5276.1		No Hits found

SEQ ID N° 241	LI-4038.1	53	pir T39903 serine-rich protein - fission yeast (<i>Schizosaccharomyces pombe</i>) emb CAA22127.1 (AL033534) hypothetical serine-rich secreted protein [<i>Schizosaccharomyces pombe</i>] Length = 534
SEQ ID N° 242	LI-543.1		No Hits found
SEQ ID N° 243	LI-5937.1	55	gb AAC27928.1 (AF062070) thermosensitive mutant immunity repressor [bacteriophage phi-105] Length = 147
SEQ ID N° 244	LI-2068.1	32	pir F71456 hypothetical protein PH0308 - <i>Pyrococcus horikoshii</i> dbj BAA29381.1 (AP000001) 215aa long hypothetical protein [Pyrococcus horikoshii] Length = 215
SEQ ID N° 245	LI-3142.1		No Hits found
SEQ ID N° 246	LI-4047.1		No Hits found
SEQ ID N° 247	LI-4073.1		No Hits found
SEQ ID N° 248	LI-4483.1		No Hits found
SEQ ID N° 249	LI-547.1	35	pir A70002 protein kinase homolog ytvA - <i>Bacillus subtilis</i> gb AAC00382.1 (AF008220) putative protein kinase [Bacillus subtilis] emb CAB15012.1 (Z99119) similar to protein kinase [Bacillus subtilis] Length = 261
SEQ ID N° 250	LI-5640.1	44	sp Q45399 PTCB_BACST PTS SYSTEM, CELLOBIOSE-SPECIFIC IIB COMPONENT (EIIB-CEL) (CELLOBIOSE-PERMEASE IIB COMPONENT) (PHOSPHOTRANSFERASE ENZYME II, B COMPONENT) pir B49898 cellobiose phosphotransferase system celA - Bacillus
SEQ ID N° 251	LI-689.1	56	gi 6321628 Cell wall protein; Crh1p sp P53301 YG46_YEAST HYPOTHETICAL 52.8 KD PROTEIN IN BUB1-HIP1 INTERGENIC REGION pir S64507 probable membrane protein YGR189c - yeast (<i>Saccharomyces</i> <i>cerevisiae</i>) emb CAA97215.1 (Z72974) ORF YGR189c [Sacch
SEQ ID N° 252	LI-2066.1		No Hits found
SEQ ID N° 253	LI-4008.1		No Hits found
SEQ ID N° 254	LI-4042.1		No Hits found
SEQ ID N° 255	LI-4145.1	95	gb AAB37344.1 (U78967) cadmium resistance regulatory protein [<i>Lactococcus</i> lactis] Length = 119
SEQ ID N° 256	LI-5586.1	51	sp P45924 YQBH_BACSU HYPOTHETICAL 14.3 KD PROTEIN IN SPOIIC- CWLA INTERGENIC REGION pir C69947 phage-related protein homolog yqbH - <i>Bacillus subtilis</i> dbj BAA12403.1 (D84432) YqbH [Bacillus subtilis] emb CAB14552.1 (Z99117) similar to phage-related p
SEQ ID N° 257	LI-4152.1		No Hits found
SEQ ID N° 258	LI-4154.1		No Hits found
SEQ ID N° 259	LI-4181.1	54	pir T09011 probable transposase TnpA - <i>Streptococcus pyogenes</i> (fragment) gb AAB92607.1 (AF026542) TnpA [Streptococcus pyogenes] Length = 364
SEQ ID N° 260	LI-4220.1		No Hits found
SEQ ID N° 261	LI-4477.1		No Hits found
SEQ ID N° 262	LI-2014.1		No Hits found
SEQ ID N° 263	LI-5182.1	50	dbj BAA97098.1 (AP002460) gene_id:F1D9.26-unknown protein [Arabidopsis thaliana] Length = 260
SEQ ID N° 264	LI-5545.1		No Hits found
SEQ ID N° 265	LI-5549.1		No Hits found

SEQ ID N° 266	LI-5556.1		No Hits found
SEQ ID N° 267	LI-6015.1		No Hits found
SEQ ID N° 268	LI-6125.1	54	sp Q01256 ARSR_STAXY ARSENICAL RESISTANCE OPERON REPRESSOR gb AAA27587.1 (M80565) ars operon regulatory protein (repressor) [Plasmid pSX267] Length = 104
SEQ ID N° 269	LI-6186.1		No Hits found
SEQ ID N° 270	LI-2659.1	39	pir C69982 hypothetical protein yrzD - Bacillus subtilis emb CAB14726.1 (Z99118) yrzD [Bacillus subtilis] Length = 98
SEQ ID N° 271	LI-2949.1		No Hits found
SEQ ID N° 272	LI-2961.1		No Hits found
SEQ ID N° 273	LI-4478.1		No Hits found
SEQ ID N° 274	LI-283.1	29	pir D72568 hypothetical protein APE1830 - Aeropyrum permix (strain K1) dbj BAA80833.1 (AP000062) 100aa long hypothetical protein [Aeropyrum permix] Length = 100
SEQ ID N° 275	LI-4899.1		No Hits found
SEQ ID N° 276	LI-521.1	58	gb AAF41678.1 (AE002479) transcriptional regulator, MerR family [Neisseria meningitidis MC58] emb CAB84745.1 (AL162756) putative transcriptional regulator [Neisseria meningitidis] Length = 135
SEQ ID N° 277	LI-6126.1	51	gb AAD51848.1 AF178758_4 (AF178758) ArsD [Sinorhizobium sp. As4] Length = 119
SEQ ID N° 278	LI-1390.1		No Hits found
SEQ ID N° 279	LI-2968.1		No Hits found
SEQ ID N° 280	LI-4132.1	46	gb AAF13645.1 AF188935_43 (AF188935) pXO2-40 [Bacillus anthracis] Length = 128
SEQ ID N° 281	LI-6032.1		No Hits found
SEQ ID N° 282	LI-4028.1		No Hits found
SEQ ID N° 283	LI-773.1		No Hits found
SEQ ID N° 284	LI-2038.1	46	sp P75869 YCCR_ECOLI HYPOTHETICAL 24.1 KDA PROTEIN IN SULA-HELD INTERGENIC REGION pir F64836 probable membrane protein b0959 - Escherichia coli gb AAC74045.1 (AE000198) orf, hypothetical protein [Escherichia coli] dbj BAA35717.1 (D90733) ORF_ID:o223
SEQ ID N° 285	LI-2973.1		No Hits found
SEQ ID N° 286	LI-2019.1		No Hits found
SEQ ID N° 287	LI-2052.1	50	gb AAD01956.1 (AF033016) unknown [Listeria monocytogenes] Length = 75
SEQ ID N° 288	LI-2945.1		No Hits found
SEQ ID N° 289	LI-4030.1		No Hits found
SEQ ID N° 290	LI-4522.1		No Hits found
SEQ ID N° 291	LI-6030.1		No Hits found
SEQ ID N° 292	LI-2456.1		No Hits found
SEQ ID N° 293	LI-4215.1		No Hits found
SEQ ID N° 294	LI-5926.1	61	emb CAA70358.1 (Y09161) antigen C [Listeria monocytogenes] Length = 138
SEQ ID N° 295	LI-2316.1	38	sp P25958 CMG6_BACSU COMG OPERON PROTEIN 6 pir G69603 DNA transport machinery comGF - Bacillus subtilis emb CAB14399.1 (Z99116) probably part of the DNA transport machinery [Bacillus subtilis] Length = 127
SEQ ID N° 296	LI-394.1		No Hits found

SEQ ID N° 297	LI-5039.1		No Hits found
SEQ ID N° 298	LI-6068.1		No Hits found
SEQ ID N° 299	LI-6070.1		No Hits found
SEQ ID N° 300	LI-825.1	32	gb AAC69727.1 (AF061128) merozoite surface protein 1 [Plasmodium falciparum] Length = 402
SEQ ID N° 301	LI-2972.1		No Hits found
SEQ ID N° 302	LI-3339.1		No Hits found
SEQ ID N° 303	LI-3371.1	80	emb CAB53849.1 (AJ242593) gp59 [Bacteriophage A118] Length = 133
SEQ ID N° 304	LI-3529.1		No Hits found
SEQ ID N° 305	LI-4063.1		No Hits found
SEQ ID N° 306	LI-4808.1	38	sp Q09788 YA9A_SCHPO HYPOTHETICAL 54.2 KD SERINE-RICH PROTEIN C13G6.10C IN CHROMOSOME I PRECURSOR pir S62439 hypothetical protein SPAC13G6.10c - fission yeast (Schizosaccharomyces pombe) pir T37645 hypothetical serine rich protei
SEQ ID N° 307	LI-4099.1		No Hits found
SEQ ID N° 308	LI-5587.1	55	sp P45923 YQBG_BACSU HYPOTHETICAL 14.7 KD PROTEIN IN SPOIIC-CWLA INTERGENIC REGION pir B69947 hypothetical protein yqbG - Bacillus subtilis dbj BAA06940.1 (D32216) ORF76 [Bacillus subtilis] dbj BAA12402.1 (D84432) YqbG [Bacillus subtilis] emb CAB1
SEQ ID N° 309	LI-4963.1	35	pir E69801 hypothetical protein yfhL - Bacillus subtilis emb CAB12686.1 (Z99108) yfhL [Bacillus subtilis] dbj BAA24478.1 (D85082) YfhL [Bacillus subtilis] Length = 110
SEQ ID N° 310	LI-3199.1		No Hits found
SEQ ID N° 311	LI-6057.1	26	emb CAB01605.1 (Z78205) UL36 [Bovine herpesvirus 1] emb CAA06097.1 (AJ004801) very large virion protein (tegument) [Bovine herpesvirus type 1.1] Length = 3247
SEQ ID N° 312	LI-776.1	34	sp P42622 YHAI_ECOLI HYPOTHETICAL 13.5 KD PROTEIN IN EXUR-TDCC INTERGENIC REGION pir E65099 hypothetical 13.5 kD protein in exuR-tdcC intergenic region - Escherichia coli (strain K-12) gb AAAS7908.1 (U18997) ORF_o118 [Escherichia coli] gb
SEQ ID N° 313	LI-3375.1		No Hits found
SEQ ID N° 314	LI-3377.1		No Hits found
SEQ ID N° 315	LI-5565.1	68	sp P54338 XKDS_BACSU PHAGE-LIKE ELEMENT PBSX PROTEIN XKDS pir B69733 PBSX prophage ORF xkdS - Bacillus subtilis emb CAA94040.1 (Z70177) homologous to yqbS of the skin element [Bacillus subtilis] emb CAB13129.1 (Z99110) PBSX prophage [Bacillus subtilis]
SEQ ID N° 316	LI-5935.1	52	dbj BAA36659.1 (AB016282) ORF2 [bacteriophage phi-105] Length = 148
SEQ ID N° 317	LI-3998.1		No Hits found
SEQ ID N° 318	LI-6005.1	57	dbj BAA36659.1 (AB016282) ORF2 [bacteriophage phi-105] Length = 148
SEQ ID N° 319	LI-1341.1		No Hits found

SEQ ID N° 320	LI-2487.1	30	sp Q45460 OPBA_BACSU CHOLINE TRANSPORT ATP-BINDING PROTEIN OPUBA pir G69669 choline ABC transporter (ATP-binding protein) opuBA - Bacillus subtilis gb AAC14356.1 (AF008930) ATPase [Bacillus subtilis] emb CAB15378.1 (Z99121) choline ABC tr
SEQ ID N° 321	LI-3180.1		No Hits found
SEQ ID N° 322	LI-2997.1	44	emb CAB53856.1 (AJ242593) gp66 [Bacteriophage A118] Length = 144
SEQ ID N° 323	LI-6045.1	44	emb CAB53856.1 (AJ242593) gp66 [Bacteriophage A118] Length = 144
SEQ ID N° 324	LI-1517.1	40	pir A28298 myosin heavy chain beta, cardiac muscle - golden hamster (fragment) emb CAA30256.1 (X07273) beta-myosin heavy chain (974 AA); S2 fragment and LMM region [Mesocricetus auratus] Length = 974 *
SEQ ID N° 325	LI-6006.2		
SEQ ID N° 326	LI-3335.1	34	gb AAF66771.1 AF147806_35 (AF147806) major tegument protein [Gallid herpesvirus 2] Length = 3325
SEQ ID N° 327	LI-51.1		No Hits found
SEQ ID N° 328	LI-1931.1		No Hits found
SEQ ID N° 329	LI-4521.1		No Hits found
SEQ ID N° 330	LI-6028.1	51	sp P45911 YQAN_BACSU HYPOTHETICAL 16.1 KD PROTEIN IN SPOIIC-CWLA INTERGENIC REGION pir E69945 hypothetical protein yqaN - Bacillus subtilis dbj BAA06928.1 (D32216) ORF39 [Bacillus subtilis] dbj BAA12389.1 (D84432) YqaN [Bacillus subtilis] emb CAB1
SEQ ID N° 331	LI-3319.1		No Hits found
SEQ ID N° 332	LI-4250.1		No Hits found
SEQ ID N° 333	LI-108.1		No Hits found
SEQ ID N° 334	LI-4959.1	41	sp P45940 YXEA_BACSU HYPOTHETICAL 13.0 KD PROTEIN IN IDH-DEOR INTERGENIC REGION PRECURSOR pir C70074 hypothetical protein yxeA - Bacillus subtilis dbj BAA08317.1 (D45912) yxeA [Bacillus subtilis] emb CAB15998.1 (Z99124) yxeA [Bacillus sub
SEQ ID N° 335	LI-846.1		No Hits found
SEQ ID N° 336	LI-4170.1		No Hits found
SEQ ID N° 337	LI-5577.1	83	sp P45929 YQBM_BACSU HYPOTHETICAL 16.3 KD PROTEIN IN SPOIIC-CWLA INTERGENIC REGION pir H69947 phage-related protein homolog yqbm - Bacillus subtilis dbj BAA06945.1 (D32216) ORF71 [Bacillus subtilis] dbj BAA12408.1 (D84432) Yqbm [Bacillus subtilis]
SEQ ID N° 338	LI-779.1	40	pir F69168 hypothetical protein MTH520 - Methanobacterium thermoautotrophicum (strain Delta H) gb AAB85026.1 (AE000835) unknown [Methanobacterium thermoautotrophicum] Length = 104
SEQ ID N° 339	LI-2822.1		No Hits found
SEQ ID N° 340	LI-2931.1	83	emb CAB53814.1 (AJ242593) gp28 [Bacteriophage A118] Length = 149
SEQ ID N° 341	LI-2976.1		No Hits found
SEQ ID N° 342	LI-3835.1	36	emb CAB57639.1 (Y18930) hypothetical protein [Sulfolobus solfataricus] Length = 106

SEQ ID N° 343	LI-3613.1		No Hits found
SEQ ID N° 344	LI-3988.1	51	emb CAB53821.1 (AJ242593) gp35 [Bacteriophage A118] Length = 163
SEQ ID N° 345	LI-2287.1		No Hits found
SEQ ID N° 346	LI-338.1		No Hits found
SEQ ID N° 347	LI-4098.1	25	pir 40868 hypothetical protein 3 nanH region - Clostridium perfringens emb CAA60798.1 (X87369) ORF3 [Clostridium perfringens] Length = 265
SEQ ID N° 348	LI-1716.1		No Hits found
SEQ ID N° 349	LI-6063.1		No Hits found
SEQ ID N° 350	LI-1117.1		No Hits found
SEQ ID N° 351	LI-4137.1		No Hits found
SEQ ID N° 352	LI-2778.1	33	gb AAB60026.1 (U09422) ORF7 [Enterococcus faecalis] prf 2114402U ORF 7 [Enterococcus faecalis] Length = 157
SEQ ID N° 353	LI-2783.1	47	gb AAF41678.1 (AE002479) transcriptional regulator, MerR family [Neisseria meningitidis MC58] emb CAB84745.1 (AL162756) putative transcriptional regulator [Neisseria meningitidis] Length = 135
SEQ ID N° 354	LI-3846.1		No Hits found
SEQ ID N° 355	LI-929.1		No Hits found
SEQ ID N° 356	LI-664.1		No Hits found
SEQ ID N° 357	LI-3625.1	51	pir B70030 conserved hypothetical protein yvbK - Bacillus subtilis emb CAB15394.1 (Z99121) similar to hypothetical proteins from B. subtilis [Bacillus subtilis] Length = 155
SEQ ID N° 358	LI-4119.1		No Hits found
SEQ ID N° 359	LI-4479.1		No Hits found
SEQ ID N° 360	LI-2939.1		No Hits found
SEQ ID N° 361	LI-4012.1	52	dbj BAA97823.1 (AB044554) orf 16 [Staphylococcus aureus prophage phiPV83] Length = 159
SEQ ID N° 362	LI-5553.1		No Hits found
SEQ ID N° 363	LI-5583.1	50	sp P54330 XKDJ_BACSU PHAGE-LIKE ELEMENT PBSX PROTEIN XKDJ pir B69732 PBSX prophage ORF xkdJ - Bacillus subtilis emb CAA94065.1 (Z70177) homologous to yqbJ of the skin element [Bacillus subtilis] emb CAB13121.1 (Z99110) PBSX prophage [Bacillus subtilis]
SEQ ID N° 364	LI-5612.2		
SEQ ID N° 365	LI-4016.1	49	gb AAC97922.1 (AF077306) gp151 [Streptococcus thermophilus bacteriophage Sfi19] gb AAD44072.1 AF115102_31 (AF115102) orf151 gp [Streptococcus thermophilus bacteriophage Sfi19] Length = 151
SEQ ID N° 366	LI-4193.1	78	emb CAA63529.1 (X92946) transposase [Lactococcus lactis] Length = 228
SEQ ID N° 367	LI-2609.1	26	pir F72598 hypothetical protein APE1254 - Aeropyrum pernix (strain K1) dbj BAA80244.1 (AP000061) 109aa long hypothetical protein [Aeropyrum pernix] Length = 109
SEQ ID N° 368	LI-2940.1		No Hits found
SEQ ID N° 369	LI-4459.1		No Hits found
SEQ ID N° 370	LI-5315.1	69	sp O66911 UVRA_AQUAE EXCINUCLEASE ABC SUBUNIT A pir C70360 repair excision nuclease subunit A - Aquifex aeolicus gb AAC06874.1 (AE000702) repair excision nuclease subunit A [Aquifex aeolicus] Length = 926

SEQ ID N° 371	LI-5576.1	65	sp P45930 YQBN_BACSU HYPOTHETICAL 17.1 KD PROTEIN IN SPOIIC-CWLA INTERGENIC REGION pir A69948 phage-related protein homolog yqbN - Bacillus subtilis dbj BAA06946.1 (D32216) ORF55 [Bacillus subtilis] dbj BAA12410.1 (D84432) YqbN [Bacillus subtilis]
SEQ ID N° 372	LI-5578.1		No Hits found
SEQ ID N° 373	LI-2967.1		No Hits found
SEQ ID N° 374	LI-2836.1	38	pir H72608 hypothetical protein APE1334 - Aeropyrum permix (strain K1) dbj BAA80326.1 (AP000061) 211aa long hypothetical protein [Aeropyrum permix] Length = 211
SEQ ID N° 375	LI-3370.1		No Hits found
SEQ ID N° 376	LI-5584.1	70	sp P45925 YQBI_BACSU HYPOTHETICAL 19.9 KD PROTEIN IN SPOIIC-CWLA INTERGENIC REGION pir D69947 phage-related protein homolog yqbi - Bacillus subtilis dbj BAA06941.1 (D32216) ORF67 [Bacillus subtilis] dbj BAA12404.1 (D84432) Yqbi [Bacillus subtilis]
SEQ ID N° 377	LI-5801.1	67	gb AAF04740.1 (AF102169) multidrug resistance-like protein [Listeria monocytogenes] Length = 228
SEQ ID N° 378	LI-3338.1	42	pir T33369 hypothetical protein H02F09.3 - Caenorhabditis elegans gb AAC64622.1 (AF077538) unknown [Caenorhabditis elegans] Length = 1275
SEQ ID N° 379	LI-4106.1	65	sp Q99338 ISTB_BACTB INSERTION SEQUENCE IS232 PUTATIVE ATP-BINDING PROTEIN pir B37801 IstB protein homolog - Bacillus thuringiensis gb AAA98141.1 (M38370) ORF2 [Insertion sequence IS232] Length = 250
SEQ ID N° 380	LI-4155.1	21	pir F72491 hypothetical protein APE2573 - Aeropyrum permix (strain K1) dbj BAA81590.1 (AP000064) 238aa long hypothetical protein [Aeropyrum permix] Length = 238
SEQ ID N° 381	LI-2451.1		No Hits found
SEQ ID N° 382	LI-3987.1		No Hits found
SEQ ID N° 383	LI-4474.1		No Hits found
SEQ ID N° 384	LI-494.1	42	gb AAF41678.1 (AE002479) transcriptional regulator, MerR family [Neisseria meningitidis MC58] emb CAB84745.1 (AL162756) putative transcriptional regulator [Neisseria meningitidis] Length = 135
SEQ ID N° 385	LI-2964.1		No Hits found
SEQ ID N° 386	LI-6202.1		No Hits found
SEQ ID N° 387	LI-2102.1		No Hits found
SEQ ID N° 388	LI-1260.1		No Hits found
SEQ ID N° 389	LI-2820.1	94	gb AAF04738.1 (AF102167) stress protein-like protein [Listeria monocytogenes] Length = 174
SEQ ID N° 390	LI-3283.1		No Hits found
SEQ ID N° 391	LI-3378.1		No Hits found
SEQ ID N° 392	LI-6009.2		No Hits found
SEQ ID N° 393	LI-624.1		No Hits found
SEQ ID N° 394	LI-2969.1		No Hits found
SEQ ID N° 395	LI-2999.1		No Hits found
SEQ ID N° 396	LI-4003.1		No Hits found
SEQ ID N° 397	LI-6109.1		No Hits found
SEQ ID N° 398	LI-4081.1	61	emb CAB83893.1 (AL162753) hypothetical protein NMA0603 [Neisseria meningitidis] Length = 182

SEQ ID N° 399	LI-4696.1	67	sp P96674 YDEQ_BACSU PUTATIVE NAD(P)H OXIDOREDUCTASE YDEQ pir C69779 NAD(P)H oxidoreductase homolog ydeQ - <i>Bacillus subtilis</i> dbj BAA19364.1 (AB001488) PROBABLE NAD(P)H OXIDOREDUCTASE. [<i>Bacillus subtilis</i>] emb CAB12337.1 (Z99106) similar to NAD(P)H ox
SEQ ID N° 400	LI-3361.1	87	emb CAB53787.1 (AJ242593) putative terminase small subunit [Bacteriophage A118] Length = 180
SEQ ID N° 401	LI-2383.1	25	gb AAC45309.1 (U81957) putative DNA binding protein [<i>Streptococcus</i> gordonii] Length = 122
SEQ ID N° 402	LI-2787.1		No Hits found
SEQ ID N° 403	LI-4184.1	72	gb AAB91419.1 (AF037091) RepB homolog [<i>Lactobacillus rhamnosus</i>] Length = 172
SEQ ID N° 404	LI-4150.1	89	sp P19241 BINR_STAAU DNA-INVERTASE BINR (TRANSPOSON TN552) pir S16509 DNA-invertase - <i>Staphylococcus aureus</i> transposon Tn552 gb AAA26640.1 (M36694) DNA invertase (ttg start codon) [<i>Staphylococcus</i> <i>aureus</i>] Length = 192
SEQ ID N° 405	LI-1323.1		No Hits found
SEQ ID N° 406	LI-3996.1		No Hits found
SEQ ID N° 407	LI-5572.1	41	pir S49915 extensin-like protein - maize emb CAA84230.1 (Z34465) extensin- like protein [<i>Zea mays</i>] prf 2111476A extensin-like domain [<i>Zea mays</i>] Length = 1188
SEQ ID N° 408	LI-4485.1		No Hits found
SEQ ID N° 409	LI-6029.1		No Hits found
SEQ ID N° 410	LI-6076.1	35	pir S00250 myosin heavy chain - slime mold (<i>Dictyostelium discoideum</i>) (fragment) Length = 160
SEQ ID N° 411	LI-4309.1		No Hits found
SEQ ID N° 412	LI-4140.1	83	gb AAF86683.1 (AF179848) unknown [<i>Lactococcus lactis</i> subsp. <i>lactis</i>] Length = 196
SEQ ID N° 413	LI-6189.2		
SEQ ID N° 414	LI-1239.1		No Hits found
SEQ ID N° 415	LI-4079.1	57	emb CAB83894.1 (AL162753) hypothetical protein NMA0604 [<i>Neisseria</i> <i>meningitidis</i>] Length = 187
SEQ ID N° 416	LI-4046.1	38	pir T13523 hypothetical protein 34 - <i>Bacillus</i> phage phi-105 dbj BAA36640.1 (AB016282) ORF34 [bacteriophage phi-105] Length = 200
SEQ ID N° 417	LI-5934.1		No Hits found
SEQ ID N° 418	LI-2998.1	35	pir T13190 hypothetical protein R242 - <i>Lactobacillus</i> phage phi-gle emb CAA66766.1 (X98106) Rorf242 [Bacteriophage phig1e] Length = 242
SEQ ID N° 419	LI-304.1	20	emb CAA49825.1 (X70360) ORF2 [<i>Azospirillum brasilense</i>] Length = 173
SEQ ID N° 420	LI-4945.1		No Hits found
SEQ ID N° 421	LI-1552.1	29	dbj BAA82251.1 (AB014440) orf3 [<i>Staphylococcus aureus</i>] Length = 151
SEQ ID N° 422	LI-4037.1	51	dbj BAA97848.1 (AB044554) orf 41-phi PVL orf 5 and 6 [<i>Staphylococcus</i> <i>aureus</i> prophage phiPV83] Length = 194
SEQ ID N° 423	LI-5108.1	38	sp P54396 YPMB_BACSU HYPOTHETICAL 17.9 KD PROTEIN IN DING- ASPB INTERGENIC REGION pir F69938 hypothetical protein ypmB - <i>Bacillus</i> <i>subtilis</i> gb AAB38453.1 (L47709) putative [<i>Bacillus subtilis</i>] emb CAB14154.1 (Z99115) ypmB [<i>Bacillus subtilis</i>]

SEQ ID N° 424	LI-5561.1	53	sp P54340 XKDU_BACSU PHAGE-LIKE ELEMENT PBSX PROTEIN XKDT pir D69733 PBSX prophage ORF xkdU - Bacillus subtilis emb CAA94042.1 (Z70177) homologous to yqcA of the skin element [Bacillus subtilis] emb CAB13131.1 (Z99110) PBSX prophage [Bacillus subtilis]
SEQ ID N° 425	LI-1717.1		No Hits found
SEQ ID N° 426	LI-6043.1	34	pir T13190 hypothetical protein R242 - Lactobacillus phage phi-gle emb CAA66766.1 (X98106) Rorf242 [Bacteriophage phig1e] Length = 242
SEQ ID N° 427	LI-3740.1	44	sp P46330 YXBF_BACSU HYPOTHETICAL 44.3 KDA PROTEIN IN HTPG- ALDX INTERGENIC REGION pir A70073 hypothetical protein yxbF - Bacillus subtilis dbj BAA21600.1 (AB005554) yxbF [Bacillus subtilis] emb CAB16021.1 (Z99124) alternate gene name: yxaT [Bacillus]
SEQ ID N° 428	LI-6087.1	49	sp P39784 PCF_BACSU POSITIVE CONTROL FACTOR pir I40413 positive control factor (xre region) xpf - Bacillus subtilis emb CAA84046.1 (Z34287) ORF7; homology to regions 4.1 and 4.2 of sigma factors [Bacillus subtilis] emb CAA94057.1 (Z70177)
SEQ ID N° 429	LI-2151.1		No Hits found
SEQ ID N° 430	LI-4097.1		No Hits found
SEQ ID N° 431	LI-4146.1	78	gb AAB08926.1 (U39859) invertase-enterococcal [Enterococcus faecalis] Length = 202
SEQ ID N° 432	LI-1236.1		No Hits found
SEQ ID N° 433	LI-3291.1		No Hits found
SEQ ID N° 434	LI-4512.1	30	pir F71011 hypothetical protein PH1388 - Pyrococcus horikoshii dbj BAA30494.1 (AP000006) 119aa long hypothetical protein [Pyrococcus horikoshii] Length = 119
SEQ ID N° 435	LI-4120.1	32	gb AAC17959.1 (AF022806) unknown [Pantoea citrea] Length = 208
SEQ ID N° 436	LI-4223.1	35	emb CAB88960.1 (AL353864) hypothetical protein SC8F11.09. [Streptomyces coelicolor A3(2)] Length = 137
SEQ ID N° 437	LI-6183.2		
SEQ ID N° 438	LI-1345.1	43	emb CAB75242.1 (AL139075) putative periplasmic protein [Campylobacter jejuni] Length = 390
SEQ ID N° 439	LI-3379.1	67	emb CAB53841.1 (AJ242593) gp51 [Bacteriophage A118] Length = 186
SEQ ID N° 440	LI-5543.1		No Hits found
SEQ ID N° 441	LI-6018.1	47	gb AAF43118.1 (AF208055_5 (AF208055) Orf245 [bacteriophage phi31.1] gb AAF74061.1 (AF212844) ORF245 [Lactococcus lactis] gb AAF74095.1 (AF212846) ORF245 [Lactococcus lactis bacteriophage ul36.1] gb AAF74110.1 (AF212847) ORF245 [Lactococcus lactis bac
SEQ ID N° 442	LI-1951.1		No Hits found
SEQ ID N° 443	LI-4535.1		No Hits found
SEQ ID N° 444	LI-1171.1	37	gb AAF36806.1 (AF155139) VanZF [Paenibacillus popilliae] Length = 206
SEQ ID N° 445	LI-1215.1	59	pir A69898 conserved hypothetical protein yoaZ - Bacillus subtilis gb AAB84456.1 (AF027868) YoaZ [Bacillus subtilis] emb CAB13771.1 (Z99114) similar to hypothetical proteins from B. subtilis [Bacillus subtilis] Length = 210

SEQ ID N° 446	LI-4153.1	64	sp P94606 ATKC_CLOAB POTASSIUM-TRANSPORTING ATPASE C CHAIN (ATP PHOSPHOHYDROLASE [POTASSIUM-TRANSPORTING] C CHAIN) gb AAC45479.1 (U44892) KdpC [Clostridium acetobutylicum] Length = 204
SEQ ID N° 447	LI-2943.1		No Hits found
SEQ ID N° 448	LI-2942.1		No Hits found
SEQ ID N° 449	LI-1120.1	35	sp P31078 PETP_RHOCA PETP PROTEIN pir S22631 petP protein - Rhodobacter capsulatus emb CAA78097.1 (Z12113) protein of unknown function [Rhodobacter capsulatus] Length = 166
SEQ ID N° 450	LI-4532.1		No Hits found
SEQ ID N° 451	LI-3387.1	99	emb CAB53838.1 (AJ242593) putative recombinase [Bacteriophage A118] Length = 271
SEQ ID N° 452	LI-1125.1	34	gb AAC97845.1 (AF063866) ORF MSV027 tryptophan repeat gene family protein [Melanoplus sanguinipes entomopoxvirus] Length = 297
SEQ ID N° 453	LI-4217.1		No Hits found
SEQ ID N° 454	LI-5704.1		No Hits found
SEQ ID N° 455	LI-2923.1	41	gb AAC44021.1 (U40830) Orf14.9 protein [Streptococcus thermophilus] prf 2209356Q ORF 14.9 [Streptococcus thermophilus] Length = 191
SEQ ID N° 456	LI-1393.1		No Hits found
SEQ ID N° 457	LI-2461.1	39	gb AAC44021.1 (U40830) Orf14.9 protein [Streptococcus thermophilus] prf 2209356Q ORF 14.9 [Streptococcus thermophilus] Length = 191
SEQ ID N° 458	LI-5483.1	14	sp P05790 FBOH_BOMMO FIBROIN HEAVY CHAIN PRECURSOR (FIB-H) (H-FIBROIN) gb AAF76983.1 AF226688_1 (AF226688) fibroin heavy chain Fib-H [Bombyx mori] Length = 5263
SEQ ID N° 459	LI-392.1	49	emb CAB73650.1 (AL139079) putative ABC transport system ATP-binding protein [Campylobacter jejuni] Length = 217
SEQ ID N° 460	LI-2950.1		No Hits found
SEQ ID N° 461	LI-6003.1	48	pir B69784 conserved hypothetical protein ydhF - Bacillus subtilis emb CAB12392.1 (Z99107) similar to hypothetical proteins from B. subtilis [Bacillus subtilis] Length = 236
SEQ ID N° 462	LI-6065.1		No Hits found
SEQ ID N° 463	LI-1578.1	49	sp P46903 NATA_BACSU ATP-BINDING TRANSPORT PROTEIN NATA (NA+ ABC TRANSPORTER) pir A69666 Na+ ABC transporter (extrusion) (ATP-binding protein) nata - Bacillus subtilis gb AAB53022.1 (U30873) Nata [Bacillus subtilis] dbj BAA22236.1 (AB0006
SEQ ID N° 464	LI-4124.1	82	gb AAC64335.1 (AF036485) putative transposase [Plasmid pNZ4000] Length = 226
SEQ ID N° 465	LI-4139.1	82	gb AAC64335.1 (AF036485) putative transposase [Plasmid pNZ4000] Length = 226
SEQ ID N° 466	LI-4166.1	94	emb CAA64387.1 (X94761) transposase [Streptococcus thermophilus] emb CAB52228.1 (Z98171) transposase [Streptococcus thermophilus] Length = 226
SEQ ID N° 467	LI-4182.1	82	gb AAC64335.1 (AF036485) putative transposase [Plasmid pNZ4000] Length = 226
SEQ ID N° 468	LI-6038.1		No Hits found
SEQ ID N° 469	LI-4021.1		No Hits found

SEQ ID N° 470	LI-5569.1	66	sp P45932 YQBP_BACSU HYPOTHETICAL 25.3 KD PROTEIN IN SPOIIC-CWLA INTERGENIC REGION pir C69948 phage-related protein homolog yqbP - Bacillus subtilis dbj BAA06948.1 (D32216) ORF85 [Bacillus subtilis] dbj BAA12412.1 (D84432) YqbP [Bacillus subtilis]
SEQ ID N° 471	LI-4084.1	96	emb CAA63529.1 (X92946) transposase [Lactococcus lactis] Length = 228
SEQ ID N° 472	LI-4177.1	97	emb CAA63529.1 (X92946) transposase [Lactococcus lactis] Length = 228
SEQ ID N° 473	LI-6066.1	23	emb CAB53799.1 (AJ242593) gp13 [Bacteriophage A118] Length = 110
SEQ ID N° 474	LI-6106.1	97	emb CAA63529.1 (X92946) transposase [Lactococcus lactis] Length = 228
SEQ ID N° 475	LI-6113.1	97	emb CAA63529.1 (X92946) transposase [Lactococcus lactis] Length = 228
SEQ ID N° 476	LI-4013.1	64	gb AAC48871.1 (U51128) ORF245 [Lactococcus bacteriophage phi31] Length = 245
SEQ ID N° 477	LI-5978.1	61	emb CAB40581.1 (AJ010128) DNA alkylation repair enzyme [Bacillus cereus] Length = 237
SEQ ID N° 478	LI-6085.1	53	sp P45915 YQAS_BACSU HYPOTHETICAL 27.7 KD PROTEIN IN SPOIIC-CWLA INTERGENIC REGION. pir B69946 phage-related terminase small subunit homolog yqaS - Bacillus subtilis dbj BAA06932.1 (D32216) ORF43 [Bacillus subtilis] dbj BAA12394.1 (D84432)
SEQ ID N° 479	LI-1346.1	15	pir E75471 transcription regulator, GntR family - Deinococcus radiodurans (strain R1) gb AAF10394.1 AE001936_3 (AE001936) transcriptional regulator, GntR family [Deinococcus radiodurans] Length = 267
SEQ ID N° 480	LI-4506.1		No Hits found
SEQ ID N° 481	LI-3994.1	54	gb AAB18697.1 (U38906) ORF22 [Bacteriophage r11] Length = 228
SEQ ID N° 482	LI-6131.1	54	gb AAB18697.1 (U38906) ORF22 [Bacteriophage r11] Length = 228
SEQ ID N° 483	LI-4050.1		No Hits found
SEQ ID N° 484	LI-284.1	57	pir F69375 ABC transporter, ATP-binding protein homolog - Archaeoglobus fulgidus gb AAB90232.1 (AE001034) ABC transporter, ATP-binding protein [Archaeoglobus fulgidus] Length = 285
SEQ ID N° 485	LI-4160.1	65	gb AAB39096.1 (U39673) KdpE [Clostridium acetobutylicum] Length = 232
SEQ ID N° 486	LI-529.1	47	dbj BAA03592.1 (D14877) positive regulator for virulence factors [Clostridium perfringens] Length = 236
SEQ ID N° 487	LI-3559.1		No Hits found
SEQ ID N° 488	LI-5643.1	49	pir D49898 cellobiose phosphotransferase system celC - Bacillus stearothermophilus gb AAA17391.1 (U07818) putative phospho-beta-glucosidase [Bacillus stearothermophilus] Length = 245
SEQ ID N° 489	LI-5720.1	90	emb CAB53837.1 (AJ242593) gp47 [Bacteriophage A118] Length = 319
SEQ ID N° 490	LI-2788.1	46	gb AAF35174.1 (AF193610) TndX [Clostridium difficile] Length = 533

SEQ ID N° 491	LI-4054.1	28	emb CAB52531.1 (AJ131519) hypothetical protein [Lactobacillus bacteriophage phi adh] Length = 247
SEQ ID N° 492	LI-4095.1	47	pir E71905 hypothetical protein jhp0651 - Helicobacter pylori (strain J99) gb AAD06227.1 (AE001497) putative [Helicobacter pylori J99] Length = 234
SEQ ID N° 493	LI-5200.1	34	prf 2119294A YFW1 gene [Saccharomyces cerevisiae] Length = 605
SEQ ID N° 494	LI-2995.1	52	pir T12864 probable antirepressor - Bacillus subtilis phage SPBc2 emb CAB13959.1 (Z99114) similar to phage-related DNA-binding protein anti-repressor [Bacillus subtilis] emb CAB13985.1 (Z99115) similar to phage-related DNA-binding protein
SEQ ID N° 495	LI-5715.1	58	dbj BAA97816.1 (AB044554) antirepressor [Staphylococcus aureus prophage phiPV83] Length = 265
SEQ ID N° 496	LI-6019.1	38	pir T00178 hypothetical protein 44 - Staphylococcus aureus phage phi PVL dbj BAA31918.1 (AB009866) orf 44 [bacteriophage phi PVL] Length = 161
SEQ ID N° 497	LI-2779.1	27	pir G69486 probable iron-sulfur flavoprotein isf-3 - Archaeoglobus fulgidus gb AAB89371.1 (AE000972) iron-sulfur flavoprotein (isf-3) [Archaeoglobus fulgidus] Length = 201
SEQ ID N° 498	LI-6144.1	69	dbj BAA97816.1 (AB044554) antirepressor [Staphylococcus aureus prophage phiPV83] Length = 265
SEQ ID N° 499	LI-1926.1		No Hits found
SEQ ID N° 500	LI-4026.1		No Hits found
SEQ ID N° 501	LI-1388.1		No Hits found
SEQ ID N° 502	LI-2781.1	47	pir E70761 probable ketoacyl reductase - Mycobacterium tuberculosis (strain H37RV) emb CAA98318.1 (Z74020) hypothetical protein Rv1544 [Mycobacterium tuberculosis] Length = 267
SEQ ID N° 503	LI-3157.1	38	pir G75518 probable beta-lactamase - Deinococcus radiodurans (strain R1) gb AAF10013.1 AE001903_1 (AE001903) beta-lactamase, putative [Deinococcus radiodurans] Length = 277
SEQ ID N° 504	LI-485.1	46	pir H71283 conserved hypothetical integral membrane protein TP0771 - syphilis spirochete gb AAC65739.1 (AE001248) conserved hypothetical integral membrane protein [Treponema pallidum] Length = 593
SEQ ID N° 505	LI-5604.1	31	sp P45915 YQAS_BACSU HYPOTHETICAL 27.7 KD PROTEIN IN SPOIIC-CWLA INTERGENIC REGION pir B69946 phage-related terminase small subunit homolog yqaS - Bacillus subtilis dbj BAA06932.1 (D32216) ORF43 [Bacillus subtilis] dbj BAA12394.1 (D84432)
SEQ ID N° 506	LI-4169.1		No Hits found
SEQ ID N° 507	LI-522.1	40	ref NP_013953.1 Ymr226cp sp Q05016 YM71 YEAST HYPOTHETICAL OXIDOREDUCTASE IN MRPL44-MTF1 INTERGENIC REGION pir S57593 hypothetical protein YMR226c - yeast (Saccharomyces cerevisiae) emb CAA90197.1 (Z49939) unknown [Saccharomyces cerevisiae]
SEQ ID N° 508	LI-1513.1		No Hits found
SEQ ID N° 509	LI-6136.1	98	emb CAB53838.1 (AJ242593) putative recombinase [Bacteriophage A118] Length = 271

SEQ ID N° 510	LI-3148.1	75	pir S16647 sporulation dipeptide ABC transporter dppA - <i>Bacillus subtilis</i> Length = 274
SEQ ID N° 511	LI-5558.1		No Hits found
SEQ ID N° 512	LI-4123.1	68	gb AAB01067.1 (U23813) transposase [<i>Lactococcus lactis</i>] Length = 385
SEQ ID N° 513	LI-6052.1	33	emb CAB53803.1 (AJ242593) gp17 [Bacteriophage A118] Length = 272
SEQ ID N° 514	LI-1577.1	42	pir B71197 hypothetical protein PH1848 - <i>Pyrococcus horikoshii</i> dbj BAA30969.1 (AP000007) 255aa long hypothetical protein [<i>Pyrococcus horikoshii</i>] Length = 255
SEQ ID N° 515	LI-3333.1	61	emb CAB53803.1 (AJ242593) gp17 [Bacteriophage A118] Length = 272
SEQ ID N° 516	LI-523.1	37	pir B59099 hypothetical protein pXO1-66 - <i>Bacillus anthracis</i> virulence plasmid pXO1 gb AAD32370.1 AAD32370 (AF065404) pXO1-66 [<i>Bacillus anthracis</i>] Length = 361
SEQ ID N° 517	LI-1025.1		No Hits found
SEQ ID N° 518	LI-2947.1		No Hits found
SEQ ID N° 519	LI-5550.1	30	pir T12790 N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase homolog - <i>Bacillus subtilis</i> phage SPBc2 emb CAB14059.1 (Z99115) similar to N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase [<i>Bacillus subtilis</i>] gb AAC38300.1 (AF021803) N-acetylmuramoyl-L-alanine
SEQ ID N° 520	LI-733.1	20	pir A71161 hypothetical protein PH0486 - <i>Pyrococcus horikoshii</i> dbj BAA29574.1 (AP000002) 170aa long hypothetical protein [<i>Pyrococcus horikoshii</i>] Length = 170
SEQ ID N° 521	LI-4067.1	39	gb AAAG3619.1 (U10992) abiD [<i>Lactococcus lactis</i>] Length = 366
SEQ ID N° 522	LI-4670.1	50	emb CAA78595.1 (Z14225) SpoIIJ [<i>Bacillus subtilis</i>] Length = 259
SEQ ID N° 523	LI-4460.1		No Hits found
SEQ ID N° 524	LI-4174.1	61	gb AAF37879.1 AF234619_2 (AF234619) OpuABC [<i>Lactococcus lactis</i>] Length = 573
SEQ ID N° 525	LI-4148.1	66	sp P18179 ATBP_STAAU POTENTIAL ATP-BINDING PROTEIN (ORF 271) pir S11779 probable ATP-binding protein - <i>Staphylococcus aureus</i> transposon Tn552 emb CAA36948.1 (X52734) ORF271 (pot. ATP-binding protein) (AA 1-271) [<i>Staphylococcus au</i>]
SEQ ID N° 526	LI-454.1		No Hits found
SEQ ID N° 527	LI-3320.1	97	sp Q37979 AEPE_BPA50 L-ALANOYL-D-GLUTAMATE PEPTIDASE pir S69801 L-alanoyl-D-glutamate peptidase, 33.4K - phage A500 emb CAA59365.1 (X85009) L-alanoyl-D-glutamate peptidase [Bacteriophage A500] Length = 289
SEQ ID N° 528	LI-36.1	26	gi 6324372 anchorage subunit of a-agglutinin; Aga1p sp P32323 AGA1_YEAST A-AGGLUTININ ATTACHMENT SUBUNIT PRECURSOR pir A41258 a-agglutinin core protein AGA1 - yeast (<i>Saccharomyces cerevisiae</i>) gb AAA34382.1 (M60590) a-agglutinin core subunit [<i>Saccharo</i>]
SEQ ID N° 529	LI-6075.1	32	pir H45691 main capsid protein Gp34 - <i>Lactobacillus delbrueckii</i> subsp. bulgaricus phage mv4 Length = 286
SEQ ID N° 530	LI-781.1	49	gb AAC56014.1 (AE001272) conserved hypothetical protein [<i>Lactococcus lactis</i>] Length = 286

SEQ ID N° 531	LI-4053.1		No Hits found
SEQ ID N° 532	LI-6025.1	42	dbj BAA97828.1 (AB044554) orf 21 [Staphylococcus aureus prophage phiPV83] Length = 257
SEQ ID N° 533	LI-2966.1	32	gb AAC24147.1 (AF071201) unknown [bacteriophage Felix 01] Length = 262
SEQ ID N° 534	LI-4130.1	59	pir B47092 copy control protein repB - Enterococcus faecalis plasmid pAD1 gb AAB00504.1 (L01794) replication-associated protein [Enterococcus faecalis] Length = 281
SEQ ID N° 535	LI-3354.1	96	emb CAB53792.1 (AJ242593) major capsid protein [Bacteriophage A118] Length = 299
SEQ ID N° 536	LI-2957.1	19	gb AAC99858.1 (U31159) CR16 [Rattus norvegicus] gb AAC99859.1 (U31169) SH3 domain binding protein [Rattus norvegicus] Length = 485
SEQ ID N° 537	LI-2975.1	40	gb AAF84386.1 AE003986_16 (AE003986) hypothetical protein [Xylella fastidiosa] gb AAF84491.1 AE003993_10 (AE003993) hypothetical protein [Xylella fastidiosa] Length = 327
SEQ ID N° 538	LI-4138.1	48	gb AAC56014.1 (AE001272) conserved hypothetical protein [Lactococcus lactis] Length = 286
SEQ ID N° 539	LI-5052.1	48	pir B70067 hypothetical protein ywqG - Bacillus subtilis emb CAB07445.1 (Z92952) unknown [Bacillus subtilis] emb CAB15639.1 (Z99122) ywqG [Bacillus subtilis] Length = 261
SEQ ID N° 540	LI-3386.1	67	emb CAB53839.1 (AJ242593) gp49 [Bacteriophage A118] Length = 310
SEQ ID N° 541	LI-2987.1	34	sp P45915 YQAS_BACSU HYPOTHETICAL 27.7 KD PROTEIN IN SPOIIC-CWLA INTERGENIC REGION pir B69946 phage-related terminase small subunit homolog yqaS - Bacillus subtilis dbj BAA06932.1 (D32216) ORF43 [Bacillus subtilis] dbj BAA12394.1 (D84432)
SEQ ID N° 542	LI-395.1	29	gb AAB49627.1 (U63134) the 5' end of the open reading frame shows similarity to the rgg protein of Streptococcus gordonii, Swiss-Prot Accession Number P49330 [Streptococcus pyogenes] Length = 252
SEQ ID N° 543	LI-3159.1	47	pir A69856 polysugar degrading enzyme homolog ykfC - Bacillus subtilis emb CAA05579.1 (AJ002571) YkfC [Bacillus subtilis] emb CAB13156.1 (Z99110) similar to polysugar degrading enzyme [Bacillus subtilis] Length = 296
SEQ ID N° 544	LI-5590.1	81	sp P45921 YQBE_BACSU HYPOTHETICAL 34.5 KD PROTEIN IN SPOIIC-CWLA INTERGENIC REGION pir H69946 phage-related protein homolog yqbE - Bacillus subtilis dbj BAA06938.1 (D32216) ORF53 [Bacillus subtilis] dbj BAA12400.1 (D84432) YqbE [Bacillus subtilis]
SEQ ID N° 545	LI-1216.1	51	pir D69900 conserved hypothetical protein yobV - Bacillus subtilis gb AAB84472.1 (AF027868) transcription regulator [Bacillus subtilis] emb CAB13802.1 (Z99114) similar to hypothetical proteins [Bacillus subtilis] Length = 313
SEQ ID N° 546	LI-6135.1	97	emb CAB53839.1 (AJ242593) gp49 [Bacteriophage A118] Length = 310
SEQ ID N° 547	LI-6037.1	57	pir T13262 integrase - Lactococcus lactis phage BK5-T gb AAA98585.1 (L44593) integrase [Lactococcus lactis phage BK5-T] Length = 374

SEQ ID N° 548	LI-2934.1	39	emb CAA61519.1 (X89234) phagelysin [<i>Listeria innocua</i>] Length = 287
SEQ ID N° 549	LI-4066.1	42	emb CAA61519.1 (X89234) phagelysin [<i>Listeria innocua</i>] Length = 287
SEQ ID N° 550	LI-1087.1	55	pir T13262 integrase - <i>Lactococcus lactis</i> phage BK5-T gb AAA98585.1 (L44593) integrase [<i>Lactococcus lactis</i> phage BK5-T] Length = 374
SEQ ID N° 551	LI-6138.1	94	emb CAB53837.1 (AJ242593) gp47 [Bacteriophage A118] Length = 319
SEQ ID N° 552	LI-2142.1	47	emb CAA66252.1 (X97651) abortive phage resistance mechanism [<i>Lactococcus lactis</i>] Length = 346
SEQ ID N° 553	LI-3995.1	54	pir T13262 integrase - <i>Lactococcus lactis</i> phage BK5-T gb AAA98585.1 (L44593) integrase [<i>Lactococcus lactis</i> phage BK5-T] Length = 374
SEQ ID N° 554	LI-6130.1	53	pir T13262 integrase - <i>Lactococcus lactis</i> phage BK5-T gb AAA98585.1 (L44593) integrase [<i>Lactococcus lactis</i> phage BK5-T] Length = 374
SEQ ID N° 555	LI-5313.1	41	gb AAD46982.1 (AF070520) unknown [<i>Sinorhizobium meliloti</i>] Length = 332
SEQ ID N° 556	LI-6021.1		No Hits found
SEQ ID N° 557	LI-5319.1	19	sp Q00753 MSMR_STRMU MSM OPERON REGULATORY PROTEIN gb AAA26932.1 (M77351) regulatory protein [<i>Streptococcus mutans</i>] Length = 278
SEQ ID N° 558	LI-5568.1	69	sp P45950 YQBQ_BACSU HYPOTHETICAL 37.0 KD PROTEIN IN SPOIIC-CWLA INTERGENIC REGION pir D69948 phage-related protein homolog yqbQ - <i>Bacillus subtilis</i> dbj BAA06949.1 (D32216) ORF86 [<i>Bacillus subtilis</i>] dbj BAA12413.1 (D84432) YqbQ [<i>Bacillus subtilis</i>]
SEQ ID N° 559	LI-2785.1	59	pir S78538 site-specific recombinase tnpX - <i>Clostridium perfringens</i> transposon Tn4451 gb AAB51419.1 (U15027) TnpX [<i>Clostridium perfringens</i>] Length = 707
SEQ ID N° 560	LI-4060.1	33	emb CAB53806.1 (AJ242593) gp20 [Bacteriophage A118] Length = 357
SEQ ID N° 561	LI-14.1	71	sp O34755 YKOT_BACSU HYPOTHETICAL 38.5 KDA PROTEIN IN TNRA-SSPD INTERGENIC REGION pir F69860 dolichol phosphate mannose synthase homolog ykoT - <i>Bacillus subtilis</i> emb CAB13196.1 (Z99110) similar to dolichol phosphate mannose synthase [Bacil]
SEQ ID N° 562	LI-4122.1		No Hits found
SEQ ID N° 563	LI-4955.1	43	gb AAB67968.1 (U77367) internalin [<i>Listeria monocytogenes</i>] Length = 821
SEQ ID N° 564	LI-4077.1	70	pir A24455 repB protein - <i>Bacillus</i> sp. plasmids emb CAA33714.1 (X15670) repB protein (AA 1-334) [<i>Bacillus</i> sp.] gb AAA88362.1 (M19465) alpha protein [Plasmid pUB110] gb AAA84919.1 (U32369) ORF alpha; RepU is encoded within ORF alpha [Plasmid]
SEQ ID N° 565	LI-4116.1	67	gb AAB01067.1 (U23813) transposase [<i>Lactococcus lactis</i>] Length = 385
SEQ ID N° 566	LI-6051.1	54	pir T13217 hypothetical protein R372 - <i>Lactobacillus</i> phage phi-gle emb CAA66746.1 (X98106) Rorf372 [Bacteriophage phig1e] Length = 372

SEQ ID N° 567	LI-3329.1	52	emb CAB53805.1 (AJ242593) gp19 [Bacteriophage A118] Length = 342
SEQ ID N° 568	LI-9.1		No Hits found
SEQ ID N° 569	LI-6050.1	47	emb CAB53805.1 (AJ242593) gp19 [Bacteriophage A118] Length = 342
SEQ ID N° 570	LI-6078.1	37	emb CAB53790.1 (AJ242593) gp4 [Bacteriophage A118] Length = 379
SEQ ID N° 571	LI-1308.1	26	sp P19934 TOLA_ECOLI TOLA PROTEIN pir JV0057 toIA protein - Escherichia coli gb AAA24683.1 (M28232) toIA [Escherichia coli] dbj BAA35405.1 (D90713) ToIA protein. [Escherichia coli] gb AAC73833.1 (AE000177) membrane spanning protein, required for o
SEQ ID N° 572	LI-5609.1	23	pir C71907 probable type II DNA modification enzyme (methyltransferase) - Helicobacter pylori (strain J99) gb AAD06206.1 (AE001495) putative TYPE II DNA MODIFICATION ENZYME (METHYLTRANSFERASE) [Helicobacter pylori J99] L
SEQ ID N° 573	LI-6120.1	83	gb AAD51846.1 AF178758_2 (AF178758) ArsB [Sinorhizobium sp. As4] Length = 351
SEQ ID N° 574	LI-6185.1	50	pir T00175 hypothetical protein 41 - Staphylococcus aureus phage phi PVL dbj BAA31915.1 (AB009866) orf 41 [bacteriophage phi PVL] Length = 332
SEQ ID N° 575	LI-6046.1	56	emb CAB53806.1 (AJ242593) gp20 [Bacteriophage A118] Length = 357
SEQ ID N° 576	LI-6122.1	76	emb CAB85311.1 (AL162758) putative integral membrane efflux protein [Neisseria meningitidis] Length = 350
SEQ ID N° 577	LI-3326.1	55	emb CAB53806.1 (AJ242593) gp20 [Bacteriophage A118] Length = 357
SEQ ID N° 578	LI-1191.1	35	emb CAB39003.1 (AL034558) predicted using hexExon; MAL3P2.16 (PF0235w), Hypothetical protein, len: 1214 aa [Plasmodium falciparum] Length = 1213 "
SEQ ID N° 579	LI-3160.1	61	pir H69855 chloromuconate cycloisomerase homolog ykfB - Bacillus subtilis emb CAA05578.1 (AJ002571) YkfB [Bacillus subtilis] emb CAB13155.1 (Z99110) similar to chloromuconate cycloisomerase [Bacillus subtilis] Length = 366
SEQ ID N° 580	LI-5564.1	66	sp P45935 YQBT_BACSU HYPOTHETICAL 35.0 KD PROTEIN IN SPOIIC-CWLA INTERGENIC REGION pir G69948 phage-related protein homolog yqbT - Bacillus subtilis dbj BAA06952.1 (D32216) ORF89 [Bacillus subtilis] dbj BAA12416.1 (D84432) YqbT [Bacillus subtilis]
SEQ ID N° 581	LI-1601.1	48	gb AAB67970.1 (U77368) inID [Listeria monocytogenes] Length = 567
SEQ ID N° 582	LI-5593.1	63	sp P45920 YQBD_BACSU HYPOTHETICAL 36.2 KD PROTEIN IN SPOIIC-CWLA INTERGENIC REGION pir G69946 phage-related protein homolog yqbD - Bacillus subtilis dbj BAA06937.1 (D32216) ORF52 [Bacillus subtilis] dbj BAA12399.1 (D84432) YqbD [Bacillus subtilis]
SEQ ID N° 583	LI-2944.1	43	gb AAF84513.1 AE003994_12 (AE003994) hypothetical protein [Xylella fastidiosa] Length = 387

SEQ ID N° 584	LI-2978.1	34	gb AAF84384.1 AE003986_14 (AE003986) hypothetical protein [Xylella fastidiosa] gb AAF84489.1 AE003993_8 (AE003993) hypothetical protein [Xylella fastidiosa] Length = 397
SEQ ID N° 585	LI-455.1	34	pir A71237 hypothetical protein PH0155 - Pyrococcus horikoshii dbj BAA29224.1 (AP000001) 317aa long hypothetical protein [Pyrococcus horikoshii] Length = 317
SEQ ID N° 586	LI-6111.1	35	gb AAD20952.1 (AF060119) methyltransferase [Pasteurella haemolytica] Length = 706
SEQ ID N° 587	LI-5933.1	38	emb CAB96616.1 (AJ400629) integrase [Streptococcus pneumoniae bacteriophage MM1] Length = 375
SEQ ID N° 588	LI-4502.2		
SEQ ID N° 589	LI-5275.1	32	pir B69981 N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase homolog yrvJ - Bacillus subtilis emb CAB14717.1 (Z99118) similar to N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase [Bacillus subtilis] Length = 518
SEQ ID N° 590	LI-4111.1	55	emb CAA51756.1 (X73329) Na/H antiporter homolog [Lactococcus lactis] Length = 379
SEQ ID N° 591	LI-4183.1	87	gb AAB52513.1 (U44843) replication protein [Lactococcus lactis] Length = 383
SEQ ID N° 592	LI-2.2		
SEQ ID N° 593	LI-3985.1	40	pir T13182 integrase - Lactobacillus phage phi-gle emb CAA66758.1 (X98106) integrase [Bacteriophage phig1e] emb CAA62092.1 (X90510) integrase [Bacteriophage phig1e] Length = 391
SEQ ID N° 594	LI-4486.1		No Hits found
SEQ ID N° 595	LI-1342.1	61	pir S76946 hypothetical protein - Synechocystis sp. (strain PCC 6803) dbj BAA18858.1 (D90917) hypothetical protein [Synechocystis sp.] Length = 407
SEQ ID N° 596	LI-1348.1	26	dbj BAA34922.1 (AB012764) Chitinase A [Clostridium paraputrificum] Length = 832
SEQ ID N° 597	LI-390.1		No Hits found
SEQ ID N° 598	LI-4039.1	59	emb CAB63685.1 (AJ251790) hypothetical protein [Lactobacillus casei bacteriophage A2] Length = 400
SEQ ID N° 599	LI-1088.1	32	gb AAF17614.1 AF207855_3 (AF207855) specificity subunit Lla33I [Lactococcus lactis] Length = 414
SEQ ID N° 600	LI-3255.1	84	sp P44099 YA38_HAEIN HYPOTHETICAL PROTEIN HI1038 pir I64018 hypothetical protein HI1038 - Haemophilus influenzae (strain Rd KW20) gb AAC22698.1 (U32784) conserved hypothetical protein [Haemophilus influenzae Rd] Length = 400
SEQ ID N° 601	LI-4036.1		No Hits found
SEQ ID N° 602	LI-1086.1	35	pir T30324 type I site-specific deoxyribonuclease (EC 3.1.21.3) LldI chain hsdS - Lactococcus lactis plasmid pIL2614 gb AAC15898.1 (U90222) type IC specificity subunit [Lactococcus lactis] Length = 405
SEQ ID N° 603	LI-4103.1	41	gb AAC23674.1 (AF064765) putative transposase [Lactococcus lactis] Length = 216
SEQ ID N° 604	LI-4112.1	79	sp O52191 ENO_STRTR ENOLASE (2-PHOSPHOGLYCERATE DEHYDRATASE) (2-PHOSPHO-D-GLYCERATE HYDRO-LYASE) gb AAC64907.1 (AF027167) enolase [Streptococcus thermophilus] Length = 422
SEQ ID N° 605	LI-1186.1		No Hits found

SEQ ID N° 606	LI-4508.1	41	pir A69774 integrase homolog ydcL - <i>Bacillus subtilis</i> dbj BAA19318.1 (AB001488) PROBABLE INTEGRASE. [<i>Bacillus subtilis</i>] emb CAB12287.1 (Z99106) similar to integrase [<i>Bacillus subtilis</i>] Length = 368
SEQ ID N° 607	LI-4015.1	64	emb CAB63670.1 (AJ251789) hypothetical protein [<i>Lactobacillus casei</i> bacteriophage A2] Length = 455
SEQ ID N° 608	LI-589.1	38	pir T28677 rhopty protein - <i>Plasmodium yoelii</i> gb AAA21304.1 (L27838) rhopty protein [<i>Plasmodium yoelii</i>] Length = 2269
SEQ ID N° 609	LI-391.1	31	sp Q58207 Y797_METJA HYPOTHETICAL PROTEIN MJ0797 pir E64399 hypothetical protein MJ0797 - <i>Methanococcus jannaschii</i> gb AAB98792.1 (U67524) hypothetical protein [<i>Methanococcus jannaschii</i>] Length = 367
SEQ ID N° 610	LI-4715.1	41	ref NP_013898.1 Ymr173w-ap pir S69870 hypothetical protein YMR173w-a - yeast (<i>Saccharomyces cerevisiae</i>) Length = 394
SEQ ID N° 611	LI-5638.1	51	pir H70216 PTS system, cellobiose-specific IIC component (celB) homolog - Lyme disease spirochete plasmid B/cp26 gb AAC66324.1 (AE000792) PTS system, cellobiose-specific IIC component (celB) [<i>Borrelia burgdorferi</i>] Length
SEQ ID N° 612	LI-5645.1	65	sp O06901 MALH_FUSMR MALTULOSE-6'-PHOSPHATE GLUCOSIDASE (6'-PHOSPHO-ALPHA-D-GLUCOSIDASE) gb AAB63015.1 (U81185) MalH [<i>Fusobacterium mortiferum</i>] Length = 441
SEQ ID N° 613	LI-4714.1	26	sp P04929 HRPX_PLALO HISTIDINE-RICH GLYCOPROTEIN PRECURSOR pir KGZQHL histidine-rich glycoprotein precursor - <i>Plasmodium lophurae</i> emb CAA25698.1 (X01469) histidine-rich protein [<i>Plasmodium lophurae</i>] prf 1101401A protein, His rich [<i>Plasmodium</i> sp.]
SEQ ID N° 614	LI-5602.1	72	sp P45916 YQAT_BACSU HYPOTHETICAL 50.9 KD PROTEIN IN SPOIIC-CWLA INTERGENIC REGION (ORF50) pir C69946 phage-related terminase large subunit homolog yqaT - <i>Bacillus subtilis</i> dbj BAA06933.1 (D32216) ORF50 [<i>Bacillus subtilis</i>] dbj
SEQ ID N° 615	LI-2993.1	17	pir C71907 probable type II DNA modification enzyme (methyltransferase) - <i>Helicobacter pylori</i> (strain J99) gb AAD06206.1 (AE001495) putative TYPE II DNA MODIFICATION ENZYME (METHYLTRANSFERASE) [<i>Helicobacter pylori</i> J99] L
SEQ ID N° 616	LI-6084.1		No Hits found
SEQ ID N° 617	LI-4092.1	46	gb AAF13688.1 AF188935_86 (AF188935) pXO2-84 [<i>Bacillus anthracis</i>] Length = 490
SEQ ID N° 618	LI-5579.1	65	sp P54331 XKDK_BACSU PHAGE-LIKE ELEMENT PBSX PROTEIN XKDK pir C69732 PBSX prophage ORF xkdK - <i>Bacillus subtilis</i> emb CAA94066.1 (Z70177) xkdK [<i>Bacillus subtilis</i>] emb CAB13122.1 (Z99110) PBSX prophage [<i>Bacillus subtilis</i>] Length = 464
SEQ ID N° 619	LI-1526.1	40	pir H72265 hypothetical protein TM1336 - <i>Thermotoga maritima</i> (strain MSB8) gb AAD36408.1 AE001788_3 (AE001788) permease, putative [<i>Thermotoga maritima</i>] Length = 390
SEQ ID N° 620	LI-528.1	45	pir C55521 virS protein - <i>Clostridium perfringens</i> gb AAA58950.1 (U04966) VirS [<i>Clostridium perfringens</i>] Length = 440

SEQ ID N° 621	LI-4175.1	60	sp P37062 NAPE_ENTFA NADH PEROXIDASE (NPXASE) pir S18332 NADH peroxidase (EC 1.11.1.1) - Enterococcus faecalis pdb 1NPX Nadh Peroxidase (E.C.1.11.1.1) Non-Active Form With Cys 42 Oxidized To A Sulfonic Acid (Cys42-So3h) pdb 2NPX Nadh
SEQ ID N° 622	LI-6035.1		No Hits found
SEQ ID N° 623	LI-2455.1		No Hits found
SEQ ID N° 624	LI-4482.1		No Hits found
SEQ ID N° 625	LI-2982.1	40	gb AAF84380.1 AE003986_10 (AE003986) conserved hypothetical protein [Xylella fastidiosa] gb AAF84485.1 AE003993_4 (AE003993) conserved hypothetical protein [Xylella fastidiosa] Length = 467
SEQ ID N° 626	LI-4147.1	67	sp P18416 TRA3_STAAU TRANSPOSASE FOR TRANSPOSON TN552 (ORF 480) pir S11780 probable transposase - Staphylococcus aureus transposon Tn552 emb CAA36949.1 (X52734) ORF480 (pot. transposase) (AA 1-480) [Staphylococcus aureus] Length =
SEQ ID N° 627	LI-2981.1	28	sp P71385 YE07_HAEIN HYPOTHETICAL PROTEIN HI1407 pir B64122 hypothetical protein HI1407 - Haemophilus influenzae (strain Rd KW20) gb AAC23048.1 (U32820) traN-related protein [Haemophilus influenzae Rd] Length = 447
SEQ ID N° 628	LI-2985.1	45	emb CAA72650.1 (Y11901) hypothetical protein [Lactococcus lactis] Length = 462
SEQ ID N° 629	LI-3.1	41	sp P46917 GGAA_BACSU MINOR TEICHOIC ACIDS BIOSYNTHESIS PROTEIN GGAA pir D69631 galactosamine-containing minor teichoic acid biosynthesis ggaA - Bacillus subtilis gb AAA73512.1 (U13979) ggaA [Bacillus subtilis] emb CAB15586.1 (Z99122) memb
SEQ ID N° 630	LI-4218.1		No Hits found
SEQ ID N° 631	LI-457.1	16	dbj BAA78899.1 (AP000342) yjcA [Plasmid R100] Length = 436
SEQ ID N° 632	LI-1614.1	56	gb AAB67970.1 (U77368) inID [Listeria monocytogenes] Length = 567
SEQ ID N° 633	LI-3815.1	29	pir B26696 hypothetical protein 1 (CYb-COI intergenic region) - Leishmania tarentolae mitochondrion (fragment) gb AAA96601.1 (M10126) NH2 terminus uncertain [Leishmania tarentolae] Length = 443
SEQ ID N° 634	LI-5621.1	37	gb AAB81298.1 (U53825) RofA [Streptococcus pyogenes] Length = 497
SEQ ID N° 635	LI-3183.1		No Hits found
SEQ ID N° 636	LI-4531.1		No Hits found
SEQ ID N° 637	LI-652.1	54	emb CAA07457.1 (AJ007319) internalin H [Listeria monocytogenes] Length = 548
SEQ ID N° 638	LI-6081.1		No Hits found
SEQ ID N° 639	LI-3273.1	24	emb CAB01947.1 (Z79692) ExpA5 [Sinorhizobium meliloti] Length = 390
SEQ ID N° 640	LI-6002.1	57	pir IMBP4 site-specific recombinase for integration and excision - Bacillus phage phi-105 dbj BAA36658.1 (AB016282) site-specific recombinase for integration and excision [bacteriophage phi-105] Length = 474

SEQ ID N° 641	LI-5600.1	68	sp P45917 YQBA_BACSU HYPOTHETICAL 58.5 KD PROTEIN IN SPOIIC-CWLA INTERGENIC REGION pir D69946 phage-related protein homolog yqbA - <i>Bacillus subtilis</i> dbj BAA06934.1 (D32216) ORF51 [<i>Bacillus subtilis</i>] dbj BAA12396.1 (D84432) YqbA [<i>Bacillus subtilis</i>]
SEQ ID N° 642	LI-1091.1	84	gb AAC38346.1 (AF013165) HsdM [<i>Lactococcus lactis</i>] Length = 515
SEQ ID N° 643	LI-4543.1		No Hits found
SEQ ID N° 644	LI-1389.1	25	sp P11055 MYSE_HUMAN MYOSIN HEAVY CHAIN, FAST SKELETAL MUSCLE, EMBRYONIC (MUSCLE EMBRYONIC MYOSIN HEAVY CHAIN) (SMHCE) Length = 1940
SEQ ID N° 645	LI-3152.1	63	gb AAF73090.1 (AF103793_1 (AF103793) peptide binding protein OppA [<i>Listeria monocytogenes</i>] Length = 558
SEQ ID N° 646	LI-6118.1	55	pir H69299 NADH oxidase (noxA-3) homolog - <i>Archaeoglobus fulgidus</i> gb AAB90837.1 (AE001077) NADH oxidase (noxA-3) [<i>Archaeoglobus fulgidus</i>] Length = 551
SEQ ID N° 647	LI-4879.1	77	sp Q59925 FTHS_STRMU FORMATE-TETRAHYDROFOLATE LIGASE (FORMYL-TETRAHYDROFOLATE SYNTHETASE) (FHS) (FTHFS) gb AAB49329.1 (U39612) formyl-tetrahydrofolate synthetase [<i>Streptococcus mutans</i>] Length = 556
SEQ ID N° 648	LI-2212.1	69	pir H64879 probable membrane protein b1309 - <i>Escherichia coli</i> gb AAC74391.1 (AE000229) putative polysaccharide hydrolase [<i>Escherichia coli</i>] Length = 568
SEQ ID N° 649	LI-4128.1	49	emb CAB43191.1 (AJ011655) replication protein Rep63A [<i>Bacillus thuringiensis</i>] Length = 513
SEQ ID N° 650	LI-4158.1	72	sp O32327 ATKA_CLOAB POTASSIUM-TRANSPORTING ATPASE A CHAIN (ATP PHOSPHOHYDROLASE [POTASSIUM-TRANSPORTING] A CHAIN) gb AAC45477.1 (U44892) KdpA [<i>Clostridium acetobutylicum</i>] Length = 556
SEQ ID N° 651	LI-6124.1	74	gb AAD51849.1 (AF178758_5 (AF178758) ArsA [<i>Sinorhizobium</i> sp. As4] Length = 587
SEQ ID N° 652	LI-5597.1	34	sp P45918 YQBB_BACSU HYPOTHETICAL 34.9 KD PROTEIN IN SPOIIC-CWLA INTERGENIC REGION pir E69946 hypothetical protein yqbB - <i>Bacillus subtilis</i> dbj BAA06935.1 (D32216) ORF66 [<i>Bacillus subtilis</i>] dbj BAA12397.1 (D84432) YqbB [<i>Bacillus subtilis</i>] emb CAB1
SEQ ID N° 653	LI-4033.1	38	gb AAF27357.1 (AF198256_11 (AF198256) phage D3 terminase-like protein [<i>Haemophilus influenzae</i>] Length = 555
SEQ ID N° 654	LI-815.1	57	sp P25146 INLA_LISMO INTERNALIN A PRECURSOR pir S37387 internalin A precursor - <i>Listeria monocytogenes</i> Length = 800
SEQ ID N° 655	LI-5484.1	15	emb CAA65738.1 (X97014) ORF A [<i>Listeria seeligeri</i>] Length = 902
SEQ ID N° 656	LI-5317.1	45	emb CAB72809.1 (AL139074) excinuclease ABC subunit A [<i>Campylobacter jejuni</i>] Length = 941
SEQ ID N° 657	LI-5644.1	45	pir F69848 transcription antiterminator BglG family homolog yjdC - <i>Bacillus subtilis</i> emb CAB13057.1 (Z99110) similar to transcriptional antiterminator (BglG family) [<i>Bacillus subtilis</i>] Length = 648
SEQ ID N° 658	LI-6016.1	27	pir T00175 hypothetical protein 41 - <i>Staphylococcus aureus</i> phage phi PVL dbj BAA31915.1 (AB009866) orf 41 [bacteriophage phi PVL] Length = 332

SEQ ID N° 659	LI-648.1	14	gi 6677945 suppressor of clear, <i>C. elegans</i> , homolog of dbj BAA74885.1 (AB020669) KIAA0862 protein [<i>Homo sapiens</i>] Length = 582
SEQ ID N° 660	LI-4168.1	56	pir F69869 heavy metal-transporting ATPase homolog ykvW - <i>Bacillus subtilis</i> emb CAB13258.1 (Z99111) similar to heavy metal-transporting ATPase [<i>Bacillus subtilis</i>] Length = 637
SEQ ID N° 661	LI-1442.1	63	sp P25146 INLA_LISMO INTERNALIN A PRECURSOR pir S37387 internalin A precursor - <i>Listeria monocytogenes</i> Length = 800
SEQ ID N° 662	LI-17.1		No Hits found
SEQ ID N° 663	LI-1010.1	12	emb CAA68916.1 (Y07639) internalin D [<i>Listeria ivanovii</i>] Length = 313
SEQ ID N° 664	LI-2143.1	42	sp P09975 YCF2_MARPO HYPOTHETICAL 259 KD PROTEIN (ORF 2136) pir A05037 hypothetical protein 2136 - liverwort (<i>Marchantia polymorpha</i>) chloroplast emb CAA28078.1 (X04465) ORF2136 [<i>Marchantia polymorpha</i>] Length = 2136
SEQ ID N° 665	LI-4157.1	82	sp O32328 ATKB_CLOAB POTASSIUM-TRANSPORTING ATPASE B CHAIN (ATP PHOSPHOHYDROLASE [POTASSIUM-TRANSPORTING] B CHAIN) gb AAC45478.1 (U44892) KdpB [<i>Clostridium acetobutylicum</i>] Length = 685
SEQ ID N° 666	LI-1021.1	21	emb CAA07456.1 (AJ007319) internalin G [<i>Listeria monocytogenes</i>] Length = 490
SEQ ID N° 667	LI-13.1		No Hits found
SEQ ID N° 668	LI-4057.1	14	emb CAB52532.1 (AJ131519) hypothetical protein [<i>Lactobacillus bacteriophage phi adh</i>] Length = 241
SEQ ID N° 669	LI-4019.1	65	emb CAB63672.1 (AJ251789) hypothetical protein [<i>Lactobacillus casei bacteriophage A2</i>] Length = 770
SEQ ID N° 670	LI-4102.1	25	dbj BAA87672.1 (AB016260) Hypothetical gene, methylase gene homolog [<i>Agrobacterium tumefaciens</i>] Length = 1693
SEQ ID N° 671	LI-12.1	53	pir S49240 hypothetical protein 3 (capsulation locus) - <i>Haemophilus influenzae</i> (strain RM107) emb CAA85752.1 (Z37516) orf3 [<i>Haemophilus influenzae</i>] Length = 789
SEQ ID N° 672	LI-20.1	39	gb AAC45605.1 (U82488) AMI [<i>Listeria monocytogenes</i>] Length = 917
SEQ ID N° 673	LI-805.1	74	emb CAA65738.1 (X97014) ORF A [<i>Listeria seeligeri</i>] Length = 902
SEQ ID N° 674	LI-1188.1	9	dbj BAA84909.1 (AB024946) orf74 [<i>Escherichia coli</i>] Length = 873
SEQ ID N° 675	LI-1313.1	76	pir F69681 phosphoenolpyruvate synthase pps - <i>Bacillus subtilis</i> gb AAB84457.1 (AF027868) PEP synthase [<i>Bacillus subtilis</i>] emb CAB13775.1 (Z99114) phosphoenolpyruvate synthase [<i>Bacillus subtilis</i>] Length = 866
SEQ ID N° 676	LI-4164.1	62	sp P94608 KDPD_CLOAB SENSOR PROTEIN KDPD gb AAB39095.1 (U39673) KdpD [<i>Clostridium acetobutylicum</i>] Length = 900
SEQ ID N° 677	LI-5773.1	27	gb AAB67968.1 (U77367) internalin [<i>Listeria monocytogenes</i>] Length = 821
SEQ ID N° 678	LI-1096.1	85	gb AAC38345.1 (AF013165) HsdR [<i>Lactococcus lactis</i>] Length = 995
SEQ ID N° 679	LI-4178.1	27	pir D72308 conserved hypothetical protein - <i>Thermotoga maritima</i> (strain MSB8) gb AAD36069.1 AE001761_1 (AE001761) conserved hypothetical protein [<i>Thermotoga maritima</i>] Length = 967
SEQ ID N° 680	LI-4052.1	35	pir T03323 gene I16 protein - <i>Lactococcus phage bIL170</i> gb AAC27195.1 (AF009630) I16 [<i>bacteriophage bIL170</i>] Length = 916

SEQ ID N° 681	LI-4232.1	15	sp P25146 INLA_LISMO INTERNALIN A PRECURSOR pir S37387 internalin A precursor - <i>Listeria monocytogenes</i> Length = 800
SEQ ID N° 682	LI-5575.1	20	sp P54334 XKDO_BACSU PHAGE-LIKE ELEMENT PBSX PROTEIN XKDO pir F69732 PBSX prophage ORF xkdO - <i>Bacillus subtilis</i> emb CAA94037.1 (Z70177) homologous to yqbO of the skin element [<i>Bacillus subtilis</i>] emb CAB13125.1 (Z99110) PBSX prophage [<i>Bacillus subtilis</i>]
SEQ ID N° 683	LI-1720.1	18	emb CAB83920.1 (AL162753) hypothetical protein NMA0631 [<i>Neisseria meningitidis</i>] Length = 1082
SEQ ID N° 684	LI-526.1	30	gb AAD39085.1 AF091393_1 (AF091393) surface protein R28 [<i>Streptococcus pyogenes</i>] Length = 1260
SEQ ID N° 685	LI-4192.1	58	emb CAB44655.1 (Y18605) hypothetical protein RvD1-Rv2024c' [<i>Mycobacterium bovis</i> BCG] Length = 1606
SEQ ID N° 686	LI-2958.1	39	pir T13216 minor capsid protein 1608 - <i>Lactobacillus</i> phage phi-gle emb CAA66745.1 (X98106) minor capsid protein [<i>Bacteriophage phig1e</i>] Length = 1608
SEQ ID N° 687	LI-3752.1	27	pir T28679 fibrinogen-binding protein homolog - <i>Staphylococcus aureus</i> emb CAA06651.1 (AJ005646) sdrD [<i>Staphylococcus aureus</i>] Length = 1315
SEQ ID N° 688	LI-6059.1	11	emb CAB63691.1 (AJ251790) hypothetical protein [<i>Lactobacillus casei</i> bacteriophage A2] Length = 465
SEQ ID N° 689	LI-1259.1	48	sp Q07833 WAPA_BACSU WALL-ASSOCIATED PROTEIN PRECURSOR pir S32920 cell wall-associated protein precursor wapA - <i>Bacillus subtilis</i> gb AAA22883.1 (L05634) wall-associated protein [<i>Bacillus subtilis</i>] dbj BAA06656.1 (D31856) WapA protein [<i>Bacillus subtilis</i>]

SEQ ID	Prot N°	COMMENTS	Blastp result on non-redundant protein bank. homology /	Comments /	%
SEQ ID N° 690	LM-1002.1	Unknown, similar to internalin protein	23	gi 2347104 gb AAB67969.1 (U77368) Internalin [Listeria monocytogenes] Length = 548	
SEQ ID N° 691	LM-1005.1	Unknown, similar to putative NAD(P)-dependent oxidoreductase	53	gi 1361424 pir S57559 strU protein - Streptomyces glaucescens	
SEQ ID N° 692	LM-1037.1	Unknown	15	gi 7459761 pir C69520 hypothetical protein AF2163 - Archaeoglobus fulgidus	
SEQ ID N° 693	LM-1043.1	Unknown, similar to efflux proteins	52	gi 7474437 pir B70065 antibiotic resistance protein homolog ywoG - Bacillus subtilis	
SEQ ID N° 694	LM-1050.1	Unknown, LPXTG protein with LRR repeats	12	gi 5059350 gb AAD38982.1 AF153770_1 (AF153770) Immunoreactive 47 kDa antigen PG97 [Porphyromonas gingivalis] Length = 428	
SEQ ID N° 695	LM-1067.2	Unknown, hypothetical secreted protein		No Hits found	
SEQ ID N° 696	LM-1074.1	Internalin	98	gi 2347102 gb AAB67968.1 (U77367) Internalin [Listeria monocytogenes] Length = 821	
SEQ ID N° 697	LM-1112.2	Unknown, similar to B. subtilis transcription repressor of myo-inositol catabolism operon lolR	61	gi 1170575 sp P46337 IOLR_BACSU DNA-BINDING PROTEIN IOLR	
SEQ ID N° 698	LM-1114.1	Unknown		No Hits found	
SEQ ID N° 699	LM-1115.3	Unknown		No Hits found	
SEQ ID N° 700	LM-1123.1	Unknown		No Hits found	
SEQ ID N° 701	LM-1127.1	Unknown		No Hits found	
SEQ ID N° 702	LM-1132.1	Unknown, similar to transcription regulator	25	gi 7481541 pir T36904 probable transcription regulator - Streptomyces coelicolor	
SEQ ID N° 703	LM-1153.2	Unknown, weakly similar to a bile acid 7-alpha dehydratase		No Hits found	
SEQ ID N° 704	LM-1154.1	unknown, similar to transcription regulator Crp/Fnr family	43	gi 7521744 pir A70344 transcription regulator Crp/Fnr family - Acetivibrio	
SEQ ID N° 705	LM-1155.1	Unknown, weakly similar to a putative haloacetate dehalogenase	35	gi 7474715 pir C69971 conserved hypothetical protein yrak - Bacillus subtilis	
SEQ ID N° 706	LM-1156.1	Unknown		No Hits found	
SEQ ID N° 707	LM-1157.1	Unknown		No Hits found	
SEQ ID N° 708	LM-1158.1	Unknown		No Hits found	
SEQ ID N° 709	LM-1159.1	unknown		No Hits found	

SEQ ID N° 710	LM-1160.1	Unknown, hypothetical			No Hits found
SEQ ID N° 711	LM-1169.1	Unknown, similar to 6-phospho-beta-glucosidase	61	gi 6851034 emb CAB71151.1 (AJ250202) beta-glucosidase [Lactobacillus plantarum] Length = 486	
SEQ ID N° 712	LM-1171.1	Unknown, similar to phosphotransferase system (PTS) beta-glucoside-specific enzyme IIABC component	63	gi 6851033 emb CAB71150.1 (AJ250202) permease [Lactobacillus plantarum] Length = 577	
SEQ ID N° 713	LM-1172.1	Unknown		No Hits found	
SEQ ID N° 714	LM-1173.1	Unknown, similar to ribose 5-phosphate isomerase	70	gi 731980 sp P37351 RPB1_ECOLI_RIBOSE 5-PHOSPHATE ISOMERASE B (PHOSPHORIBOISOMERASE B)	
SEQ ID N° 715	LM-1174.1	Unknown, similar to Ribulose-5-Phosphate 3-Epimerase	58	gi 2829613 sp P74061 IRPE_SYNY3_RIBULOSE-PHOSPHATE 3-EPIMERASE (PENTOSE-5-PHOSPHATE 3-EPIMERASE) (PPE) (R5P3E)	
SEQ ID N° 716	LM-1175.1	Unknown, similar to transcriptional regulator (LacI family)	51	gi 1173387 sp P43472 SCR_RPEDPE_SUCROSE OPERON REPRESSOR (SCR OPERON REGULATORY PROTEIN)	
SEQ ID N° 717	LM-1176.1	Unknown, similar to transcription regulator	24	gi 2127359 pir J140868 hypothetical protein 3 nanH region - perfringens	
SEQ ID N° 718	LM-1228.1	Unknown, similar to B. subtilis YxjH and YxjG proteins	60	gi 2828504 sp P42319 YXJH_BACSU_HYPOTHETICAL 38.3 KD PROTEIN IN PEPT-KATB INTERGENIC REGION	
SEQ ID N° 719	LM-1243.1	HEXOSE PHOSPHATE TRANSPORT PROTEIN.	60	gi 136773 sp P27670 UHPT_SALTY HEXOSE PHOSPHATE TRANSPORT PROTEIN	
SEQ ID N° 720	LM-1248.1	unknown, surface protein (LPXTG motif)	29	gi 417315 sp P32653 MRP_STRSU_MURAMIDASE-RELEASED PROTEIN PRECURSOR (136 KD SURFACE PROTEIN)	
SEQ ID N° 721	LM-1249.1	unknown		No Hits found	
SEQ ID N° 722	LM-1258.1	unknown, similar to transposases	57	gi 7474337 pir JH59102 hypothetical protein pXO1-96 - Bacillus anthracis virulence plasmid pXO1	
SEQ ID N° 723	LM-1259.1	unknown, similar to transposases	62	gi 929968 gb AA474024.1 (U30713) ORFA [Bacillus anthracis]	
SEQ ID N° 724	LM-1261.1	Unknown, similar to transporter	52	gi 7514408 pir JH71283 conserved hypothetical integral membrane protein TP0771 - syphilis spirochete	
SEQ ID N° 725	LM-1267.1	unknown		No Hits found	
SEQ ID N° 726	LM-1306.1	unknown		No Hits found	
SEQ ID N° 727	LM-1343.2	unknown	39	gi 6322945 ref NP_013018.1 nucleolar protein that is immunologically and structurally related to rat Nopp140, a nonribosomal protein of the nucleolus and coiled bodies.; Srp40p	
SEQ ID N° 728	LM-1353.1	unknown, similar to membrane and transport proteins	61	gi 7473695 pir J75272 probable transport protein - Deinococcus radiodurans (strain R1)	

SEQ ID N° 729	LM-1354.1	unknown, similar to ABC transporter	67	gi 7445714 pir E69762 ABC transporter (permease) homolog ychi - Bacillus subtilis
SEQ ID N° 730	LM-1357.1	unknown, conserved hypothetical protein	58	gi 7475935 pir F69762 transporter homolog ychi - Bacillus subtilis
SEQ ID N° 731	LM-1358.1	unknown, similar to sensor protein histidine kinases (2 components regulatory systems)	33	gi 2500765 sp Q47745 VANS_ENTFA SENSOR PROTEIN VANSB (VANCOMYCIN B-TYPE RESISTANCE PROTEIN VANSB) (VANCOMYCIN HISTIDINE PROTEIN KINASE)
SEQ ID N° 732	LM-1359.1	unknown, similar to transcription response regulator	65	gi 2500744 sp Q47744 VANR_ENTFA REGULATORY PROTEIN VANRB
SEQ ID N° 733	LM-1390.1	unknown		No Hits found
SEQ ID N° 734	LM-1391.1	unknown, similar to phosphotransferase system (PTS) beta-glucoside-specific enzyme IIABC	66	gi 1100076 gb AAC05713.1 (L49336) PTS-dependent enzyme II [Clostridium longisporum] Length = 616
SEQ ID N° 735	LM-1392.1	unknown, similar to glycerol kinase	58	gi 6685472 sp Q9X049 GLK1_THEMA GLYCEROL KINASE 1 (ATP:GLYCEROL 3-PHOSPHOTRANSFERASE 1) (GLYCEROKINASE 1) (GK 1)
SEQ ID N° 736	LM-1394.1	unknown, similar to transketolase	54	gi 2833526 sp Q58092 TKTC_METJA PUTATIVE TRANSKETOLASE C- TERMINAL SECTION (TK)
SEQ ID N° 737	LM-1396.1	unknown, similar to transketolase	64	gi 2833528 sp Q58094 TKTN_METJA PUTATIVE TRANSKETOLASE N- TERMINAL SECTION (TK)
SEQ ID N° 738	LM-1398.3	unknown, similar to hypothetical proteins	42	gi 7462474 pir B72314 hypothetical protein - Thermotoga maritima (strain MSB8)
SEQ ID N° 739	LM-1438.1	Unknown	89	gi 466144 sp P33383 YORX_LISMO HYPOTHETICAL 12.2 KD PROTEIN IN PLCB-LDH INTERGENIC REGION PRECURSOR (ORFX)
SEQ ID N° 740	LM-1439.1	phospholipase C	95	gi 464374 sp P33378 PHLC_LISMO PHOSPHOLIPASE C PRECURSOR (PLC) (PHOSPHATIDYLCHOLINE CHOLINEPHOSPHOHYDROLASE) (LECITHINASE)
SEQ ID N° 741	LM-1440.1			No Hits found
SEQ ID N° 742	LM-1441.1		16	gi 6649606 gb AAF21477.1 U91654_1 (U91654) merozoite surface antigen 2 [Plasmodium falciparum] Length = 233
SEQ ID N° 743	LM-1442.1	actin-assembly inducing protein precursor	99	gi 461463 sp P33379 ACTA_LISMO ACTIN-ASSEMBLY INDUCING PROTEIN PRECURSOR
SEQ ID N° 744	LM-1444.1	Zinc metalloproteinase precursor	98	gi 130985 sp P23224 PRO1_LISMO ZINC METALLOPROTEINASE PRECURSOR
SEQ ID N° 745	LM-1445.1	listeriolysin O precursor	98	gi 887028 gb AAA69528.1 (U25446) listeriolysin O [Listeria monocytogenes]

SEQ ID N° 746	LM-1446.1	phosphatidylinositol-specific phospholipase c	97	gi 464403 sp P34024 PLC_LISMO 1-PHOSPHATIDYLINOSITOL PHOSPHODIESTERASE PRECURSOR (PHOSPHATIDYLINOSITOL-SPECIFIC PHOSPHOLIPASE C) (PI-PLC)
SEQ ID N° 747	LM-1447.1	listeriolysin positive regulatory protein	99	gi 464460 sp P22262 PRFA_LISMO LISTERIOLYSIN REGULATORY PROTEIN
SEQ ID N° 748	LM-1518.1	Unknown, similar to transcription antiterminator BglG family	42	gi 7475883 pir F69848 transcription antiterminator BglG family yidC - Bacillus subtilis
SEQ ID N° 749	LM-1519.1	Unknown, similar to PTS system, fructose-specific IIA component	51	gi 7450499 pir H69626 PTS fructose-specific enzyme IIBC component fruA - Bacillus subtilis
SEQ ID N° 750	LM-1520.1	Unknown, similar to PTS system, fructose-specific IIC component	69	gi 418517 sp P32672 PTWC_ECOLI PTS SYSTEM, FRUCTOSE-LIKE-2 IIC COMPONENT (PHOSPHOTRANSFERASE ENZYME II, C COMPONENT)
SEQ ID N° 751	LM-1521.1	Unknown, similar to PTS system, fructose-specific IIB component	72	gi 418518 sp P32673 PTWB_ECOLI PTS SYSTEM, FRUCTOSE-LIKE-2 IIB COMPONENT 1 (PHOSPHOTRANSFERASE ENZYME II, B COMPONENT)
SEQ ID N° 752	LM-1523.1	Unknown, similar to an E. coli putative tagatose 6-phosphate kinase	36	gi 2507030 sp P37191 GATZ_ECOLI PUTATIVE TAGATOSE 6-PHOSPHATE KINASE GATZ
SEQ ID N° 753	LM-1528.1	Unknown		No Hits found
SEQ ID N° 754	LM-1538.1	unknown		No Hits found
SEQ ID N° 755	LM-1547.1	Internalin B	98	gi 98684 pir C39930 hypothetical protein (internalin region) - monocytogenes Length = 630
SEQ ID N° 756	LM-1549.1	Internalin A	95	gi 3123226 sp P25146 INLA_LISMO INTERNALIN A PRECURSOR
SEQ ID N° 757	LM-156.1	unknown BEST-BLASTP=		No Hits found
SEQ ID N° 758	LM-1571.1	Unknown, conserved hypothetical protein	59	gi 7388460 sp P75809 YBJL_ECOLI HYPOTHETICAL 30.2 KDA PROTEIN IN CMR-GRXA INTERGENIC REGION Length = 271
SEQ ID N° 759	LM-1572.1	Unknown, similar to unknown protein	48	gi 7482419 pir F69065 hypothetical protein MTH1490 - Methanobacterium thermoautotrophicum (strain Delta H)
SEQ ID N° 760	LM-1586.1	unknown, similar to B. subtilis YkcC protein	82	gi 3123150 sp O34319 YKCC_BACSU HYPOTHETICAL 37.4 KDA PROTEIN IN SPOISA-HTRA INTERGENIC REGION
SEQ ID N° 761	LM-1624.2	Unknown	19	gi 4959401 gb AAD34335.1 AF115391_4 (AF115391) Laac [Lactobacillus sakei] Length = 81
SEQ ID N° 762	LM-1625.2	Unknown		No Hits found
SEQ ID N° 763	LM-1627.1	Unknown		No Hits found
SEQ ID N° 764	LM-1631.1	Unknown, conserved hypothetical protein	48	gi 2851530 sp P32399 YHGE_BACSU HYPOTHETICAL 84.1 KD PROTEIN IN HEMY-GLTT INTERGENIC REGION (ORFB)
SEQ ID N° 765	LM-1632.1	Unknown, similar to transcription regulator	40	gi 6470204 gb AAF13658.1 AF188935_56 (AF188935) pXO2-53 [Bacillus anthracis] Length = 482

SEQ ID N° 766	LM-1634.1	Unknown, similar to penicillin acylase	61	gi 1731309 sp P54948 YXEI_BACSU HYPOTHETICAL 37.2 KD PROTEIN IN IDH-DEOR INTERGENIC REGION
SEQ ID N° 767	LM-1655.1	Unknown, similar to transcription regulator (VirR from Streptococcus pyogenes)	23	gi 482361 pir A42730 trans-acting positive regulator Mry - Streptococcus pyogenes (type M6, strain D471) Length = 530
SEQ ID N° 768	LM-1656.1	Unknown, putative membrane associated lipoprotein	19	gi 6731239 gb AAAF22178.1 AF072716_1 (AF072716) membrane associated lipoprotein precursor [Mycoplasma mycoides mycoides SC] Length = 445
SEQ ID N° 769	LM-1658.1	Unknown		No Hits found
SEQ ID N° 770	LM-1659.3	Unknown		No Hits found
SEQ ID N° 771	LM-1660.3	Unknown		No Hits found
SEQ ID N° 772	LM-1713.1	Unknown, similar to transcriptional regulator (LysR family)	44	gi 2996626 gb AAC4644.1 (AF009224) LysR-type transcriptional activator [Acinetobacter sp. ADP1] Length = 304
SEQ ID N° 773	LM-1714.1	Unknown, similar to acylase	43	gi 7476683 pir E70610 hypothetical protein Rv1215c - Mycobacterium tuberculosis (strain H37RV)
SEQ ID N° 774	LM-1718.2	Unknown, similar to sugar transferase	22	gi 4580634 gb AAD24457.1 AF118389_14 (AF118389) Cps2K [Streptococcus suis] Length = 276
SEQ ID N° 775	LM-1760.1	Unknown, similar to unknown proteins	26	gi 7322701 gb AAAF59460.1 (AC024760) contains similarity to TR:Q10466 [Caenorhabditis elegans] Length = 6677
SEQ ID N° 776	LM-1776.3	Unknown	51	gi 7475903 pir C69931 transcription regulator homolog yozG - Bacillus subtilis
SEQ ID N° 777	LM-1778.1	Unknown, putative peptidoglycan bound protein (LPXTG motif)	24	gi 5327234 emb CAB46338.1 (AJ133114) R5 protein [Streptococcus agalactiae] Length = 979
SEQ ID N° 778	LM-18.1	Unknown, similar to hypothetical PTS enzyme IIB component	40	gi 732028 sp P39302 PTXB_ECOLI UNKNOWN PENTITOL PHOSPHOTRANSFERASE ENZYME II, B COMPONENT
SEQ ID N° 779	LM-1814.1	Unknown, similar to putative peptidoglycan acetylation protein	87	gi 1730252 sp P54482 GCPE_BACSU GCPE PROTEIN HOMOLOG
SEQ ID N° 780	LM-1827.1	Unknown, similar to E. coli LytB protein	75	gi 1731004 sp P54473 YQFP_BACSU LYTB PROTEIN HOMOLOG
SEQ ID N° 781	LM-1838.1	Internalin E	97	gi 3980136 emb CAA07458.1 (AJ007319) Internalin E [Listeria monocytogenes] Length = 499
SEQ ID N° 782	LM-1840.1	Internalin H	95	gi 3980135 emb CAA07457.1 (AJ007319) Internalin H [Listeria monocytogenes] Length = 548
SEQ ID N° 783	LM-1842.1	Internalin G	98	gi 3980134 emb CAA07456.1 (AJ007319) Internalin G [Listeria monocytogenes] Length = 490
SEQ ID N° 784	LM-1856.2	Unknown, similar to unknown protein	97	gi 6002200 emb CAB56705.1 (Y16468) hypothetical protein [Listeria monocytogenes] Length = 392

SEQ ID N° 785	LM-1858.1	Unknown, similar to unknown protein	47	gi466146 sp P33385 YORZ_LISMO HYPOTHETICAL 16.9 KD LIPOPROTEIN IN PLCB-LDH INTERGENIC REGION PRECURSOR (ORF2)	No Hits found	
SEQ ID N° 786	LM-1859.2	Unknown				
SEQ ID N° 787	LM-1861.1		76	gi3122592 sp O32797 PFL_LACLA FORMATE ACETYLTRANSFERASE (PYRUVATE FORMATE-LYASE)		
SEQ ID N° 788	LM-1972.3	Unknown, similar to Internalin	19	gi2230998 emb CAA65738.1 (X97014) ORF A [Listeria seeligeri]	Length = 902	
SEQ ID N° 789	LM-1974.3	Unknown, similar to Internalin	31	gi2230998 emb CAA65738.1 (X97014) ORF A [Listeria seeligeri]	Length = 902	
SEQ ID N° 790	LM-198.1	diol dehydratase-reactivating factor small chain - Klebsiella oxytoca	58	gi7467210 pir T08598 probable diol dehydratase-reactivating small chain - Klebsiella oxytoca		factor
SEQ ID N° 791	LM-1997.1	unknown			No Hits found	
SEQ ID N° 792	LM-2009.1	Unknown			No Hits found	
SEQ ID N° 793	LM-2037.1	Unknown, similar to drug-export protein	66	gi7430060 pir F69763 multidrug resistance protein homolog ycnB - Bacillus subtilis		
SEQ ID N° 794	LM-2049.3	Unknown			No Hits found	
SEQ ID N° 795	LM-2050.1	Unknown			No Hits found	
SEQ ID N° 796	LM-208.1				No Hits found	
SEQ ID N° 797	LM-2106.1		95	gi4336793 gb AAD17954.1 (AF105341) pyrimidine nucleoside phosphorylase [Listeria monocytogenes]	Length = 419	
SEQ ID N° 798	LM-2116.1	Unknown			No Hits found	
SEQ ID N° 799	LM-2130.1	unknown			No Hits found	
SEQ ID N° 800	LM-2137.2	Unknown, similar to Internalin	19	gi2230998 emb CAA65738.1 (X97014) ORF A [Listeria seeligeri]	Length = 902	
SEQ ID N° 801	LM-2138.1	unknown			No Hits found	
SEQ ID N° 802	LM-2141.1	Unknown	27	gi5912390 emb CAB56115.1 (Y18096) coiled-coil protein [Sulfolobus solfataricus]	Length = 464	
SEQ ID N° 803	LM-2142.1	Unknown			No Hits found	
SEQ ID N° 804	LM-2145.1	Unknown	45	gi548467 sp P36496 PEDB_PEDAC PEDIOCIN PA-1 IMMUNITY PROTEIN (PEIDIOCIN ACH IMMUNITY PROTEIN)		
SEQ ID N° 805	LM-2161.2	Unknown, similar to toxin components	17	gi6730537 pdb 1QS2 A Chain A, Crystal Structure Of Vip2 With Nad	Length = 401	
SEQ ID N° 806	LM-221.1	unknown	42	gi7479622 pir T35326 hypothetical protein SC5H1.10c - coelcolor		Streptomyces
SEQ ID N° 807	LM-2215.1	unknown			No Hits found	

SEQ ID N° 808	LM-223.1	unknown			No Hits found	
SEQ ID N° 809	LM-2244.1		53	g 6165970 gb AAFO4740.1 (AF102169) multidrug resistance-like protein [Listeria monocytogenes] Length = 228		
SEQ ID N° 810	LM-230.1	unknown			No Hits found	
SEQ ID N° 811	LM-231.1	unknown, similar to regulatory proteins	54	g 7635981 emb CAB88816.1 (AL353832) putative MerR-family transcriptional regulator. [Streptomyces coelicolor A3(2)] 135		
SEQ ID N° 812	LM-232.1	unknown, similar to B. subtilis YjcS protein	36	g 7475112 pir C69848 hypothetical protein yjcS - Bacillus subtilis		
SEQ ID N° 813	LM-2323.1	Unknown, similar to surface protein	16	g 120457 sp P14738 FNBA_STAAU FIBRONECTIN-BINDING PROTEIN PRECURSOR (FNBP)		
SEQ ID N° 814	LM-2334.1	Unknown, conserved hypothetical protein	49	g 7471580 pir E75635 conserved hypothetical protein - Deinococcus radiodurans (strain R1)		
SEQ ID N° 815	LM-2335.2	Unknown, similar to unknown protein	34	g 7472782 pir F75635 hypothetical protein - Deinococcus radiodurans (strain R1)		
SEQ ID N° 816	LM-2336.3	Unknown		No Hits found		
SEQ ID N° 817	LM-2358.1	unknown, similar to efflux transporter	44	g 4467970 emb CAB37973.1 (X76640) hypothetical protein [Myxococcus xanthus] Length = 507		
SEQ ID N° 818	LM-2391.1	Unknown		No Hits found		
SEQ ID N° 819	LM-2392.1	unknown		No Hits found		
SEQ ID N° 820	LM-2393.1			No Hits found		
SEQ ID N° 821	LM-2394.1	unknown		No Hits found		
SEQ ID N° 822	LM-2395.1	Unknown		No Hits found		
SEQ ID N° 823	LM-2397.1	Unknown		No Hits found		
SEQ ID N° 824	LM-2398.1	unknown		No Hits found		
SEQ ID N° 825	LM-2400.1	unknown		No Hits found		
SEQ ID N° 826	LM-2401.1	Unknown		No Hits found		
SEQ ID N° 827	LM-2404.1	Unknown		No Hits found		
SEQ ID N° 828	LM-241.2	unknown	50	g 7380228 emb CAB84814.1 (AL162756) hypothetical protein [Neisseria meningitidis] Length = 181		
SEQ ID N° 829	LM-2438.1	unknown, surface anchored protein	21	g 139687 sp P11000 WAPA_STRMU WALL-ASSOCIATED PROTEIN PRECURSOR		
SEQ ID N° 830	LM-2448.2	autolysin; amidase	99	g 2653655 gb AAC46384.1 (AF035424) autolysin; amidase [Listeria monocytogenes] Length = 917		
SEQ ID N° 831	LM-245.1	unknown		No Hits found		

SEQ ID N° 832	LM-246.1	unknown			No Hits found
SEQ ID N° 833	LM-247.3	unknown, similar to methylases	42	gij7469765 pir S76841	hypothetical protein - <i>Synechocystis</i> sp. (strain PCC 6803)
SEQ ID N° 834	LM-2474.1	Unknown	49	gij7592633 dbj BAA94339.1	(AB033763) hypothetical protein [Staphylococcus aureus]
SEQ ID N° 835	LM-2475.1	Unknown, putative secreted and Lysin rich protein	26	gij5921146 dbj BAA84590.1	(AB003084) RNA polymerase sigma 70 [Helicobacter pylori] Length = 675
SEQ ID N° 836	LM-2489.2	Unknown, similar to phospho-N-acetylmuramoyl-pentapeptide transferase	74	gij417313 sp Q03521 MRAY_BACSU	PHOSPHO-N-ACETYL-MURAMOYL-PENTAPEPTIDE-TRANSFERASE (UDP-MURNAC-PENTAPEPTIDE PHOSPHOTRANSFERASE)
SEQ ID N° 837	LM-2495.1	cell-division protein FtsA	74	gij120567 sp P28264 FTSA_BACSU	CELL DIVISION PROTEIN FTSA
SEQ ID N° 838	LM-2503.1	Unknown, similar to internalin protein	35	gij2347102 gb AAB67968.1	(U77367) internalin [Listeria monocytogenes] Length = 821
SEQ ID N° 839	LM-2504.1	Unknown, putative peptidoglycan bound protein (LPXTG motif)	8	gij7485517 pir T41744	hypothetical protein F15J1.40 - <i>Arabidopsis thaliana</i>
SEQ ID N° 840	LM-2513.1				No Hits found
SEQ ID N° 841	LM-2521.1	creatinine amidohydrolase	46	gij7479569 pir T35153	hypothetical protein SC5A7.04c - <i>Streptomyces coelicolor</i>
SEQ ID N° 842	LM-2522.1		52	gij7436634 pir T72422	2-dehydro-3-deoxyphosphogluconate aldolase/4-hydroxy-2-oxoglutarate aldolase - <i>Thermotoga maritima</i> (strain MSB8)
SEQ ID N° 843	LM-2523.1		54	gij1176259 sp P45548 PHP_ECOLI	PHOSPHOTRIESTERASE HOMOLOG PROTEIN
SEQ ID N° 844	LM-2524.1		55	gij7480860 pir T37066	probable integral membrane protein - <i>Streptomyces coelicolor</i>
SEQ ID N° 845	LM-2527.1		50	gij2851672 sp P39303 PTXA_ECOLI	UNKNOWN PENTITOL PHOSPHOTRANSFERASE ENZYME II, A COMPONENT
SEQ ID N° 846	LM-2528.1		50	gij7443060 pir D70044	transcription regulator GntR family homolog - <i>Bacillus subtilis</i> yvoA
SEQ ID N° 847	LM-2597.3	unknown, similar to MINOR TEICHOIC ACIDS BIOSYNTHESIS PROTEIN GGAB	22	gij2198542 emb CAA59781.1	(X85787) ss-1,3-N-acetylglucosaminyltransferase [Streptococcus pneumoniae] Length = 306
SEQ ID N° 848	LM-2598.3		86	gij3608394 gb AAC35920.1	(AF071085) putative glucose-1-phosphate thymidyl transferase [Enterococcus faecalis] Length = 288
SEQ ID N° 849	LM-2599.1		74	gij3608395 gb AAC35921.1	(AF071085) dTDP-4-dehydrohamose epimerase [Enterococcus faecalis] Length = 190

SEQ ID N° 850	LM-2600.1		75	gi 7437238 pir JH69105 dTDP-glucose 4,6-dehydratase - Methanobacterium thermoautotrophicum (strain Delta H)
SEQ ID N° 851	LM-2601.1	unknown, similar to DTDPL-RHAMNOSE SYNTHASE	68	gi 3608397 gb AAC35923.1 (AF071085) putative rhamnose reductase [Enterococcus faecalis] dTDP-4-keto-L- Length = 299
SEQ ID N° 852	LM-2602.1	unknown, similar to TEICHOIC ACID BIOSYNTHESIS PROTEIN B PRECURSOR	34	gi 1074220 pir J549240 hypothetical protein 3 (capsulation locus) - Haemophilus influenzae (strain RM107)
SEQ ID N° 853	LM-2606.1	TEICHOIC ACID BIOSYNTHESIS PROTEIN B PRECURSOR.	58	gi 135272 sp P27621 TAGB_BACSU TEICHOIC ACID BIOSYNTHESIS PROTEIN B PRECURSOR
SEQ ID N° 854	LM-2608.1	unknown, similar to glycosyltransferase	46	gi 4580634 gb AAD24457.1 AF118389_14 (AF118389) Cps2K [Streptococcus sulis] Length = 276
SEQ ID N° 855	LM-2609.1	unknown, similar to glycosyltransferase	30	gi 6983732 emb CAB7537.1 (AL139298) putative glycosyltransferase [Streptomyces coelicolor A3(2)]. Length = 1135
SEQ ID N° 856	LM-2618.1	Integrase	46	gi 7475580 pir J69774 Integrase homolog ydcL - Bacillus subtilis
SEQ ID N° 857	LM-2619.1	unknown, similar to a protein encoded by Trn916	53	gi 3243181 gb AAC34795.1 (AF063010) unknown [Enterococcus faecium] Length = 143
SEQ ID N° 858	LM-2650.2	Similar to heme A farnesyltransferase	67	gi 1841876 dbj BAA11110.1 (D70843) heme O synthetase [Bacillus stearothermophilus] Length = 307
SEQ ID N° 859	LM-2664.2		73	gi 399058 sp P31104 AROC_BACSU CHORISMATE SYNTHASE (5- ENOLPYRUVYL-SHIKIMATE-3-PHOSPHATE PHOSPHOLYASE) (VEGETATIVE PROTEIN 216) (VEG216)
SEQ ID N° 860	LM-2689.1	unknown, conserved hypothetical protein, similar to B. subtilis YixS protein	60	gi 418459 sp P32726 YLSX_BACSU HYPOTHETICAL 17.6 KDA PROTEIN IN NUSA 5 REGION (P15A) (ORF1)
SEQ ID N° 861	LM-270.1	unknown	37	gi 7445062 pir J72278 transcription regulator, RpiR family - maritima (strain MSB8)
SEQ ID N° 862	LM-272.1	Unknown, similar to PTS system, fructose- specific IIBC component	50	gi 1708300 sp P54745 HRSA_ECOLI HRSA PROTEIN
SEQ ID N° 863	LM-273.1	Unknown, weakly similar to sugar hydrolase	49	gi 2506621 sp P54746 YBGG_ECOLI HYPOTHETICAL 100.0 KDA PROTEIN IN HRSA-CYDA INTERGENIC REGION
SEQ ID N° 864	LM-274.1	Unknown, similar to Sucrose phosphorylase	59	gi 7466753 pir JH64879 probable membrane protein b1309 - coli Escherichia
SEQ ID N° 865	LM-275.1	Unknown, conserved hypothetical protein	64	gi 1176152 sp P44507 YHAD_HAEIN HYPOTHETICAL PROTEIN HI0091
SEQ ID N° 866	LM-2761.1			No Hits found
SEQ ID N° 867	LM-284.1	unknown		No Hits found
SEQ ID N° 868	LM-2928.1	Unknown, similar to oxidoreductase	51	gi 7499000 pir J16059 hypothetical protein F13D11.4 - elegans Caenorhabditis

SEQ ID N° 869	LM-2929.1	Unknown, similar to transcriptional regulator (MerR family)	41	gi 7444887 pir B69970 transcription regulator MerR family homolog - <i>Bacillus subtilis</i>	yrB
SEQ ID N° 870	LM-3009.3	unknown BEST-BLASTP=	34	gi 7470965 pir T28679 fibrinogen-binding protein homolog - <i>Staphylococcus aureus</i>	
SEQ ID N° 871	LM-3010.1	unknown, highly similar to TN916 ORF23	79	gi 532555 gb AAB60010.1 (U09422) ORF23 [<i>Enterococcus faecalis</i>]	
SEQ ID N° 872	LM-3011.1	unknown, highly similar to TN916 ORF22	82	gi 532555 gb AAB60011.1 (U09422) ORF22 [<i>Enterococcus faecalis</i>]	
SEQ ID N° 873	LM-3012.1	unknown, highly similar to TN916 ORF21	80	gi 532554 gb AAB60012.1 (U09422) ORF21 [<i>Enterococcus faecalis</i>]	
SEQ ID N° 874	LM-3013.1	unknown, highly similar to TN916 ORF20	68	gi 532553 gb AAB60013.1 (U09422) ORF20 [<i>Enterococcus faecalis</i>]	
SEQ ID N° 875	LM-3014.1	unknown, similar to <i>B. subtilis</i> YddA protein BEST-BLASTP=	47	gi 7459823 pir B69775 hypothetical protein yddA - <i>Bacillus subtilis</i>	
SEQ ID N° 876	LM-3016.1	unknown, highly similar to TN916 ORF18	56	gi 532551 gb AAB60015.1 (U09422) ORF18 [<i>Enterococcus faecalis</i>]	
SEQ ID N° 877	LM-3017.1	unknown, highly similar to TN916 ORF17	73	gi 532550 gb AAB60016.1 (U09422) ORF17 [<i>Enterococcus faecalis</i>]	
SEQ ID N° 878	LM-3018.1	unknown, highly similar to TN916 ORF16	92	gi 532549 gb AAB60017.1 (U09422) ORF16 [<i>Enterococcus faecalis</i>]	
SEQ ID N° 879	LM-3020.1	unknown, highly similar to TN916 ORF15	70	gi 532548 gb AAB60018.1 (U09422) ORF15 [<i>Enterococcus faecalis</i>]	
SEQ ID N° 880	LM-3022.1	unknown, highly similar to TN916 ORF14 and to <i>L. monocytogenes</i> P60 protein	82	gi 532547 gb AAB60019.1 (U09422) ORF14 [<i>Enterococcus faecalis</i>]	
SEQ ID N° 881	LM-3023.1	unknown, highly similar to TN916 ORF13	71	gi 532546 gb AAB60020.1 (U09422) ORF13 [<i>Enterococcus faecalis</i>]	
SEQ ID N° 882	LM-3024.1	CADMIUM EFFLUX SYSTEM ACCESSORY PROTEIN.	69	gi 3121831 sp Q56405 CADC_LISMO CADMIUM EFFLUX SYSTEM ACCESSORY PROTEIN	
SEQ ID N° 883	LM-3056.1	Unknown, similar to <i>plsX</i> protein involved in fatty acid/phospholipid synthesis	75	gi 6686325 sp P71018 PLSX_BACSU FATTY ACID/PHOSPHOLIPID SYNTHESIS PROTEIN PLSX	
SEQ ID N° 884	LM-3101.1	Unknown, similar to <i>B. subtilis</i> comG operon protein 6	30	gi 3287181 emb CAA75315.1 (Y15043) homology to ComYD from <i>Streptococcus gordonii</i> , and ComGD from <i>Bacillus subtilis</i> [Lactococcus lactis subsp. cremoris] Length = 150	
SEQ ID N° 885	LM-3116.2	unknown, similar to hypothetical proteins	63	gi 1730957 sp P50839 YPSB_BACSU HYPOTHETICAL 11.6 KD PROTEIN IN COTD-KDUD INTERGENIC REGION	
SEQ ID N° 886	LM-3169.1		83	gi 466194 sp P35163 RESB_BACSU TRANSCRIPTIONAL REGULATORY PROTEIN RESB	
SEQ ID N° 887	LM-3181.2		73	gi 1710383 sp P46352 RIPX_BACSU PROBABLE INTEGRASE/RECOMBINASE RIPX	
SEQ ID N° 888	LM-3244.3	unknown, similar to carbonic anhydrase	40	gi 4389447 pdb 1KQO B Chain B, <i>Neisseria Gonorrhoeae</i> Carbonic Anhydrase Length = 221	
SEQ ID N° 889	LM-3284.1	Unknown, putative secreted protein	49	gi 140596 sp P10024 YG13_BACTU HYPOTHETICAL 13.4 KD PROTEIN (ORF 3)	

SEQ ID N° 890	LM-3285.1	Unknown, putative secreted protein	34	gi 140696 sp P10024 YGI3_BACTU HYPOTHETICAL 13.4 KD PROTEIN (ORF 3)
SEQ ID N° 891	LM-3286.1	Unknown, putative secreted protein	50	gi 140696 sp P10024 YGI3_BACTU HYPOTHETICAL 13.4 KD PROTEIN (ORF 3)
SEQ ID N° 892	LM-3330.2	Unknown, similar to oxetanocin A resistance protein oxrB	70	gi 7474545 pir F69784 conserved hypothetical protein ydhJ - <i>Bacillus subtilis</i>
SEQ ID N° 893	LM-3331.1	Unknown		No Hits found
SEQ ID N° 894	LM-3332.1	Unknown		No Hits found
SEQ ID N° 895	LM-3333.1	Unknown		No Hits found
SEQ ID N° 896	LM-3334.1	Unknown		No Hits found
SEQ ID N° 897	LM-3335.2	Unknown	31	gi 7479713 pir T35598 hypothetical protein SC6G9.01c - <i>Streptomyces coelicolor</i> (fragment)
SEQ ID N° 898	LM-3336.3	Unknown, weakly similar to site-specific DNA-methyltransferase	24	gi 1769991 emb CAA65779.1 (X97069) site-specific DNA-methyltransferase [<i>Bacillus stearothermophilus</i>] Length = 259
SEQ ID N° 899	LM-3337.3	Unknown	18	gi 7463337 pir G70163 hypothetical protein BB0512 - Lyme disease spirochete
SEQ ID N° 900	LM-3344.1	Unknown	11	gi 7494294 pir D1614 hypothetical protein PFB0460c - malaria parasite (<i>Plasmodium falciparum</i>)
SEQ ID N° 901	LM-3361.2		35	gi 1730885 sp P50728 YPBB_BACSU HYPOTHETICAL 40.7 KD PROTEIN IN FER-RECQ INTERGENIC REGION
SEQ ID N° 902	LM-338.1	Unknown, similar to lipase	39	gi 7448882 pir C69464 carboxylesterase (estA) homolog - <i>Archaeoglobus fulgidus</i>
SEQ ID N° 903	LM-3398.1	cysteinyl-tRNA synthetase	76	gi 549024 sp Q06752 SYC_BACSU CYSTEINYL-TRNA SYNTHETASE (CYSTEINE-TRNA LIGASE) (CYSRS)
SEQ ID N° 904	LM-3418.2	unknown, peptidoglycan linked protein (LPxTG)	13	gi 2230998 emb CAA65738.1 (X97014) ORF A [<i>Listeria seeligeri</i>] Length = 902
SEQ ID N° 905	LM-345.1	Unknown, similar to transcription regulator	46	gi 7442876 pir F70203 xylose operon regulatory protein (xyIR-2) homolog - Lyme disease spirochete
SEQ ID N° 906	LM-3463.2	unknown		No Hits found
SEQ ID N° 907	LM-3469.2	Unknown		No Hits found
SEQ ID N° 908	LM-3477.1	Unknown, similar to internalin	42	gi 2347102 gb AAB67968.1 (U77367) internalin [<i>Listeria monocytogenes</i>] Length = 821
SEQ ID N° 909	LM-3480.3	Unknown	54	gi 7475781 pir A70002 protein kinase homolog ytvA - <i>Bacillus subtilis</i>

SEQ ID N° 910	LM-3494.3	unknown, similar to B. subtilis protein YkvS	53	gil7475155 pir B69869 hypothetical protein ykvS - <i>Bacillus subtilis</i>	<i>Bacillus subtilis</i>
SEQ ID N° 911	LM-3512.1	Unknown, similar to conjugated bile acid hydrolase	82	gil729058 sp Q06115 CBH_LACPL_CHOLOYLGLYCINE_HYDROLASE (CONJUGATED BILE ACID HYDROLASE) (CBAH) (BILE SALT HYDROLASE)	
SEQ ID N° 912	LM-3517.2	Unknown, similar to unknown proteins	73	gil7429544 pir E69879 conserved hypothetical protein ylvV - <i>Bacillus subtilis</i>	<i>Bacillus subtilis</i>
SEQ ID N° 913	LM-3528.2	Unknown, similar to heme O oxygenase	71	gil4584149 emb CAB40605.1 (AJ010111) cytochrome aa3 controlling protein [Bacillus cereus] Length = 311	
SEQ ID N° 914	LM-3538.3	unknown, similar to transcriptional regulator, LacI family	50	gil7442860 pir D69834 transcription regulator LacI family homolog <i>Bacillus subtilis</i>	yhjM - <i>Bacillus subtilis</i>
SEQ ID N° 915	LM-3562.2			No Hits found	
SEQ ID N° 916	LM-3582.1	Unknown, similar to transcription regulator TetR/AcrR family	43	gil7521750 pir C70487 transcription regulator TetR/AcrR family - <i>aerolus</i>	Aquifex
SEQ ID N° 917	LM-360.1	unknown		No Hits found	
SEQ ID N° 918	LM-3609.1	unknown, similar to AUTOLYSIN (EC 3.5.1.28) (N-ACETYL MURAMOYL-L-ALANINE AMIDASE)	24	gil584748 sp P37710 ALYS_ENTFA_AUTOLYSIN (N-ACETYL MURAMOYL-L-ALANINE AMIDASE)	
SEQ ID N° 919	LM-3612.1	unknown, similar to TEICHOIC ACID BIOSYNTHESIS PROTEIN B PRECURSOR	35	gil1074220 pir S49240 hypothetical protein 3 (capsulation locus) - <i>Haemophilus influenzae</i> (strain RM107)	<i>Bacillus subtilis</i>
SEQ ID N° 920	LM-3614.3	unknown, similar to B. subtilis YfhO protein	40	gil7475003 pir G69801 hypothetical protein yfhO - <i>Bacillus subtilis</i>	
SEQ ID N° 921	LM-3676.2		65	gil1706797 sp P49937 FUG_BACSU_FERRICHRONE_TRANSPORT_SYSTEM PERMEASE PROTEIN FHUG	
SEQ ID N° 922	LM-3681.2	unknown		No Hits found	
SEQ ID N° 923	LM-3691.2	Unknown, putative peptidoglycan bound protein (LPXTG motif) BEST-BLASTP=	31	gil7470965 pir T28679 fibrinogen-binding protein homolog - <i>Staphylococcus aureus</i>	
SEQ ID N° 924	LM-3700.2	Unknown, peptidoglycan anchored protein	22	gil7470965 pir T28679 fibrinogen-binding protein homolog - <i>Staphylococcus aureus</i>	
SEQ ID N° 925	LM-3728.1	unknown		No Hits found	
SEQ ID N° 926	LM-3746.2	Unknown, similar to N-acetyltransferase	29	gil7427903 pir B70064 probable phosphinothricin (EC 2.3.1.-) ywnH - <i>Bacillus subtilis</i>	N-acetyltransferase <i>Bacillus subtilis</i>
SEQ ID N° 927	LM-375.1	Unknown, similar to oxidoreductases	68	gil7447923 pir H72307 oxidoreductase, aldo/keto reductase family - <i>Thermotoga maritima</i> (strain MSB8)	
SEQ ID N° 928	LM-3750.2	Unknown, similar to transposase	57	gil7474337 pir H59102 hypothetical protein pXO1-96 - <i>Bacillus virulence plasmid pXO1</i>	anthracis

SEQ ID N° 929	LM-3754.2	Unknown, similar to transcription regulator (merR family)	60	gi 7444887 pir B69970 transcription regulator MerR family homolog - Bacillus subtilis	No Hits found	yrB
SEQ ID N° 930	LM-376.1	Unknown			No Hits found	
SEQ ID N° 931	LM-377.1	Unknown			No Hits found	
SEQ ID N° 932	LM-3779.3	Internalin C	92	gi 1546905 emb CAA65088.1 (X95822) Internalin family protein [Listeria monocytogenes]	No Hits found	
SEQ ID N° 933	LM-378.1	Unknown			No Hits found	
SEQ ID N° 934	LM-379.1	Unknown			No Hits found	
SEQ ID N° 935	LM-380.1	Unknown			No Hits found	
SEQ ID N° 936	LM-3811.3	Unknown	20	gi 2128791 pir A64465 hypothetical protein MJ1322 - Methanococcus jannaschii	No Hits found	
SEQ ID N° 937	LM-3836.1				No Hits found	
SEQ ID N° 938	LM-3848.1	riboflavin kinase and FAD synthase	66	gi 7444638 pir D69692 riboflavin kinase / FAD synthase ribC - subtilis	No Hits found	Bacillus
SEQ ID N° 939	LM-3853.2	Unknown, weakly similar to transposase	45	gi 7474193 pir T09011 probable transposase TnpA - Streptococcus pyogenes (fragment)	No Hits found	
SEQ ID N° 940	LM-387.1	Unknown			No Hits found	
SEQ ID N° 941	LM-388.1	unknown			No Hits found	
SEQ ID N° 942	LM-3887.1	unknown			No Hits found	
SEQ ID N° 943	LM-389.1	unknown			No Hits found	
SEQ ID N° 944	LM-3890.1	Unknown	78	gi 6226126 sp O32233 SECG BACSU PROBABLE PROTEIN-EXPORT MEMBRANE PROTEIN SECG	No Hits found	
SEQ ID N° 945	LM-390.3	unknown			No Hits found	
SEQ ID N° 946	LM-3905.2	Unknown			No Hits found	
SEQ ID N° 947	LM-392.3	unknown			No Hits found	
SEQ ID N° 948	LM-3929.1	unknown			No Hits found	
SEQ ID N° 949	LM-3934.1	Unknown, similar to transposase	62	gi 929968 gb AAAT4024.1 (U30713) ORFA [Bacillus anthracis]	No Hits found	
SEQ ID N° 950	LM-395.2	Unknown, similar to dinitrogenase reductase ADP-ribosylation system	47	gi 6136600 sp Q58588 YB87_METJA HYPOTHETICAL PROTEIN MJ1187	No Hits found	
SEQ ID N° 951	LM-3951.1	Unknown	14	gi 1389737 gb AAB03089.1 (U55187) arabinosidase [Butyrivibrio fibrisolvens] Length = 789	No Hits found	
SEQ ID N° 952	LM-3953.1	Hypothetical orf			No Hits found	
SEQ ID N° 953	LM-3954.2	Unknown			No Hits found	

SEQ ID N° 954	LM-3958.1		58	gi 5929908 gb AAD56637.1 AF174588_1 (AF174588) ComK [Listeria monocytogenes] Length = 190
SEQ ID N° 955	LM-3973.2	LIPOPROTEIN SIGNAL PEPTIDASE (EC 3.4.23.36) (PROLIPOPROTEIN SIGNAL PEPTIDASE) (SIGNAL PEPTIDASE II) (SPASE II).	56	gi 400202 sp P31024 ILSPA_STAAU LIPOPROTEIN SIGNAL PEPTIDASE (PROLIPOPROTEIN SIGNAL PEPTIDASE) (SIGNAL PEPTIDASE II) (SPASE II)
SEQ ID N° 956	LM-3976.4	Unknown, similar to repressor (penicillinase repressor)	53	sp P06555 BLAI_BACLI PENICILLINASE REPRESSOR (REGULATORY PROTEIN BLAI) (BETA-LACTAMASE REPRESSOR PROTEIN)
SEQ ID N° 957	LM-3995.1	unknown		No Hits found
SEQ ID N° 958	LM-4013.2	unknown, similar to transcriptional regulator (MarR family)	56	gi 1730943 sp P54182 YPOP_BACSU HYPOTHETICAL TRANSCRIPTIONAL REGULATOR IN UVRX-ILVA INTERGENIC REGION
SEQ ID N° 959	LM-402.1	Unknown		No Hits found
SEQ ID N° 960	LM-4040.1	Unknown		No Hits found
SEQ ID N° 961	LM-4065.1		47	gi 7480201 pir T37067 hypothetical protein SCJ21.18c - Streptomyces coelicolor (fragment)
SEQ ID N° 962	LM-4096.1	Unknown		No Hits found
SEQ ID N° 963	LM-4097.1	Unknown		No Hits found
SEQ ID N° 964	LM-4106.1	Unknown, similar to putative transcription regulator	72	gi 7474280 pir H59095 hypothetical protein pXO1-40 - Bacillus anthracis virulence plasmid pXO1
SEQ ID N° 965	LM-4118.1	Unknown		No Hits found
SEQ ID N° 966	LM-4119.1	unknown		No Hits found
SEQ ID N° 967	LM-4121.1	unknown		No Hits found
SEQ ID N° 968	LM-4137.1	unknown		No Hits found
SEQ ID N° 969	LM-4147.1	unknown, highly similar to TN916 ORF8	61	gi 431129 gb AAC36979.1 (L15633) [Conjugative transposon Tn916 (from Enterococcus faecalis, DS16), 3' end.] gene products [Transposon Tn916]
SEQ ID N° 970	LM-4148.1	unknown, highly similar to TN916 ORF19	89	gi 532552 gb AAB60014.1 (U09422) ORF19 [Enterococcus faecalis]
SEQ ID N° 971	LM-4149.2	unknown	18	gi 6325248 ref NP_015316.1 Yp009cp
SEQ ID N° 972	LM-4152.2	unknown, similar to transcriptional regulator		No Hits found
SEQ ID N° 973	LM-4166.1	Unknown, hypothetical gene		No Hits found
SEQ ID N° 974	LM-417.1	phosphoribosylaminimidazole carboxylase I	84	gi 131626 sp P12044 PUR6_BACSU PHOSPHORIBOSYLAMINOIMIDAZOLE CARBOXYLASE CATALYTIC SUBUNIT (AIR CARBOXYLASE) (AIRC)
SEQ ID N° 975	LM-4174.1	unknown		No Hits found
SEQ ID N° 976	LM-4175.1	unknown	53	gi 7475018 pir F69808 hypothetical protein yfkk - Bacillus subtilis

SEQ ID N° 977	LM-4188.1			No Hits found
SEQ ID N° 978	LM-4192.1	unknown		No Hits found
SEQ ID N° 979	LM-4193.1	unknown		No Hits found
SEQ ID N° 980	LM-4195.1	Unknown		No Hits found
SEQ ID N° 981	LM-4197.1	Unknown		No Hits found
SEQ ID N° 982	LM-4200.1	unknown		No Hits found
SEQ ID N° 983	LM-4203.1		49	gi 7475129 pir G69854 hypothetical protein yjzD - Bacillus subtilis
SEQ ID N° 984	LM-4207.1	unknown	48	gi 5730320 emb CAB52541.1 (AJ131519) hypothetical protein [Lactobacillus bacteriophage phi adh] Length = 61
SEQ ID N° 985	LM-4209.1	Bacteriophage A118 gp65 protein	69	gi 5823667 emb CAB53855.1 (AJ242593) gp65 [Bacteriophage A118] Length = 54
SEQ ID N° 986	LM-4211.1			No Hits found
SEQ ID N° 987	LM-4213.1	Unknown		No Hits found
SEQ ID N° 988	LM-4214.1	Unknown		No Hits found
SEQ ID N° 989	LM-4215.1	gp44 [Bacteriophage A118]	57	gi 5823646 emb CAB53834.1 (AJ242593) gp44 [Bacteriophage A118] Length = 72
SEQ ID N° 990	LM-4216.1	Unknown, similar to transcription regulator	53	gi 1176725 sp P45903 YQAF_BACSU HYPOTHETICAL TRANSCRIPTIONAL REGULATOR IN SPOIIIC-CWLA INTERGENIC REGION (ORF8)
SEQ ID N° 991	LM-4226.1			No Hits found
SEQ ID N° 992	LM-4227.1	Unknown, similar to repressor protein	67	gi 7521352 pir G75183 probable repressor protein PAB7155 - Pyrococcus abyssi (strain Orsay)
SEQ ID N° 993	LM-4236.1	unknown		No Hits found
SEQ ID N° 994	LM-4246.1	Unknown, hypothetical protein		No Hits found
SEQ ID N° 995	LM-4251.1	Unknown, Hypothetical		No Hits found
SEQ ID N° 996	LM-4262.2	Unknown, similar to penicillinase antirepressor	44	sp P12287 BLAR_BACLI REGULATORY PROTEIN BLAR1
SEQ ID N° 997	LM-4267.1	unknown, similar to regulatory proteins	18	gi 2495368 sp Q56070 MARA_SALTY MULTIPLE ANTIBIOTIC RESISTANCE PROTEIN MARA
SEQ ID N° 998	LM-4268.1	unknown		No Hits found
SEQ ID N° 999	LM-4295.1			No Hits found
SEQ ID N° 1000	LM-4342.1		46	pir H70081 hypothetical protein yxiE - Bacillus subtilis dbj BAA11736.1 (D83026) hypothetical [Bacillus subtilis] emb CAB15893.1 (Z99123) yxiE [Bacillus subtilis] Length = 62
SEQ ID N° 1001	LM-4351.1			No Hits found

SEQ ID N° 1002	LM-48.1	Unknown, conserved hypothetical protein	40	gi 4895134 gb AAD32741.1 (AF127374) MmcQ [Streptomyces lavendulae] Length = 123
SEQ ID N° 1003	LM-49.1	Unknown		No Hits found
SEQ ID N° 1004	LM-494.1	Unknown, similar to transcriptional regulator	29	gi 7478115 pir H70940 probable helix-turn-helix motif at aa 18-39 - Mycobacterium tuberculosis (strain H37RV)
SEQ ID N° 1005	LM-497.1	Unknown, weakly similar to gp32_Bacteriophage A118 protein	12	gi 5823630 emb CAB53818.1 (AJ242593) gp32 [Bacteriophage A118] Length = 246
SEQ ID N° 1006	LM-501.1			No Hits found
SEQ ID N° 1007	LM-502.1	Unknown		No Hits found
SEQ ID N° 1008	LM-506.1	Unknown, similar to anti-repressor [Bacteriophage A118] BEST-BLASTP=	83	gi 5823644 emb CAB53832.1 (AJ242593) putative anti-repressor promoter [Bacteriophage A118] Length = 262
SEQ ID N° 1009	LM-509.1	Unknown, similar to bacteriophage proteins	48	gi 6599320 emb CAB63666.1 (AJ251789) hypothetical protein . [Lactobacillus casei bacteriophage A2] Length = 163
SEQ ID N° 1010	LM-51.1	Unknown, weakly similar to AraC-like transcription regulator	17	gi 7387707 sp O87389 GLXA_RHIME TRANSCRIPTIONAL REGULATOR GLXA
SEQ ID N° 1011	LM-510.1	Unknown	26	gi 6015511 emb CAA63097.1 (X92187) p22 erf-like protein [unidentified] Length = 207
SEQ ID N° 1012	LM-512.1	Unknown, similar to protein gp49 [Bacteriophage A118]	63	gi 5823651 emb CAB53839.1 (AJ242593) gp49 [Bacteriophage A118] Length = 310
SEQ ID N° 1013	LM-514.1	Unknown, similar to protein gp51 [Bacteriophage A118]	59	gi 5823653 emb CAB53841.1 (AJ242593) gp51 [Bacteriophage A118] Length = 186
SEQ ID N° 1014	LM-517.1	Unknown, similar to a bacteriophage protein	34	gi 5001708 gb AAD37108.1 (AF109874_14) (AF109874) unknown [Bacteriophage Tuc2009] Length = 131
SEQ ID N° 1015	LM-518.1	Unknown	26	gi 6226483 sp Q52118 YMO3_ERWST HYPOTHETICAL 31.4 KDA PROTEIN IN MOBD 3REGION
SEQ ID N° 1016	LM-520.1	Unknown		No Hits found
SEQ ID N° 1017	LM-527.1			No Hits found
SEQ ID N° 1018	LM-529.1		37	gi 5823599 emb CAB53787.1 (AJ242593) putative terminase small subunit [Bacteriophage A118] Length = 180
SEQ ID N° 1019	LM-535.1		56	gi 2120257 pir S58142 coat protein - phage SPP1
SEQ ID N° 1020	LM-541.1		71	gi 5823611 emb CAB53799.1 (AJ242593) gp13 [Bacteriophage A118] Length = 110
SEQ ID N° 1021	LM-549.1		94	gi 5823615 emb CAB53803.1 (AJ242593) gp17 [Bacteriophage A118] Length = 272

SEQ ID N° 1022	LM-552.1		99	gi 5823617 emb CAB53805.1 (AJ242593) gp19 [Bacteriophage A118] Length = 342
SEQ ID N° 1023	LM-553.1		91	gi 5823618 emb CAB53806.1 (AJ242593) gp20 [Bacteriophage A118] Length = 357
SEQ ID N° 1024	LM-554.1		86	gi 5823619 emb CAB53807.1 (AJ242593) gp21 [Bacteriophage A118] Length = 105
SEQ ID N° 1025	LM-558.1		99	gi 2801778 gb AAC38580.1 (AF042193) peptidoglycan lytic enzyme [Listeria monocytogenes] Length = 281
SEQ ID N° 1026	LM-559.1			No Hits found
SEQ ID N° 1027	LM-56.1	Unknown, similar to hydrolase (esterase)	43	gi 7474811 pir E70010 dihydrolipoamide S-acetyltransferase homolog yugF - Bacillus subtilis
SEQ ID N° 1028	LM-560.1		47	gi 7460036 pir T13226 hypothetical protein R232 - Lactobacillus phl-gle
SEQ ID N° 1029	LM-561.1			No Hits found
SEQ ID N° 1030	LM-587.1	Unknown, similar to Bacillus anthracis CapA protein (polyglutamate capsule biosynthesis)	63	gi 4584121 emb CAB40617.1 (AJ007788) related sequence M24150 [Bacillus cereus] Length = 367
SEQ ID N° 1031	LM-611.1	Unknown, similar to ornithine carbamoyltransferase	58	gi 6685709 sp Q93656 OTC_PYRAB ORNITHINE CARBAMOYLTRANSFERASE (OTCSE)
SEQ ID N° 1032	LM-613.1	Unknown, similar to amino acid transporter	42	gi 6009438 dbj BAA64897.1 (AB024946) orf62 [Escherichia coli] = 486
SEQ ID N° 1033	LM-614.1	Unknown, conserved hypothetical protein	61	gi 5712716 gb AAD47622.1 (AF153708) unknown [Pseudomonas sp. BG33R] Length = 376
SEQ ID N° 1034	LM-615.1	carbamate kinase	76	gi 6980398 pdb 1B7B A Chain A, Carbamate Kinase From Enterococcus Faecium
SEQ ID N° 1035	LM-616.1	Unknown, conserved hypothetical protein	58	gi 5712716 gb AAD47622.1 (AF153708) unknown [Pseudomonas sp. BG33R] Length = 376
SEQ ID N° 1036	LM-617.1	Unknown, conserved hypothetical protein, hypothetical regulator	43	gi 4206184 gb AAD11507.1 (U60828) unknown [Lactococcus lactis] Length = 244
SEQ ID N° 1037	LM-653.1	Unknown, similar to flagellar motor switch protein fly C-terminal part	53	gi 2120517 pir JC4505 flagellar motor switch protein fly - syphilis spirochete
SEQ ID N° 1038	LM-692.1	Unknown		No Hits found
SEQ ID N° 1039	LM-710.1		67	gi 2833406 sp Q46829 BGLA_ECOLI 6-PHOSPHO-BETA-GLUCOSIDASE BGLA

SEQ ID N° 1040	LM-711.2		67	gi 730418 sp P40739 PTBA_BACSU PTS SYSTEM, BETA-GLUCOSIDES-SPECIFIC IIABC COMPONENT (EIABC-BGL) (BETA-GLUCOSIDES-PERMEASE IIABC COMPONENT) (PHOSPHOTRANSFERASE ENZYME II, ABC COMPONENT) (EII-BGL)
SEQ ID N° 1041	LM-712.2		70	gi 729840 sp P39805 LICT_BACSU TRANSCRIPTION ANTITERMINATOR LICT
SEQ ID N° 1042	LM-716.1			No Hits found
SEQ ID N° 1043	LM-721.1		51	gi 7434480 pir B69785 cellobiose phosphotransferase system enzym homolog ydhN - Bacillus subtilis
SEQ ID N° 1044	LM-723.1		63	gi 6002243 emb CAB56688.1 (AL121596) Beta-glucosidase (EC 3.2.1.21) (Streptomyces coelicolor A3(2)) Length = 762
SEQ ID N° 1045	LM-724.1		62	gi 7450520 pir A69785 cellobiose phosphotransferase system enzym homolog ydhM - Bacillus subtilis
SEQ ID N° 1046	LM-725.1	Unknown, similar to cellobiose phosphotransferase system enzyme IIC	55	gi 7449992 pir C69785 cellobiose phosphotransferase system enzym homolog ydhO - Bacillus subtilis
SEQ ID N° 1047	LM-726.1	Unknown, similar to lichenan operon transcription antiterminator licR	55	gi 1168885 sp P46321 CELR_BACSU PUTATIVE CEL OPERON REGULATOR
SEQ ID N° 1048	LM-728.1	Unknown	97	gi 4138150 emb CAA07718.1 (AJ007877) ADP ribosyl glycohydrolase [Listeria monocytogenes] Length = 327
SEQ ID N° 1049	LM-730.1	beta-glucoside-specific phosphotransferase enzyme II	94	gi 4138149 emb CAA07717.1 (AJ007877) PTS enzyme II [Listeria monocytogenes] Length = 640
SEQ ID N° 1050	LM-731.2	transcription antiterminator	96	gi 4138148 emb CAA07716.1 (AJ007877) antiterminator [Listeria monocytogenes] Length = 270
SEQ ID N° 1051	LM-757.1	Unknown, similar to internalin proteins	38	gi 2347102 gb AAB67968.1 (U77367) internalin [Listeria monocytogenes] Length = 821
SEQ ID N° 1052	LM-80.1	unknown		No Hits found
SEQ ID N° 1053	LM-812.1	Unknown, similar to unknown protein	43	gi 4033715 gb AAC97152.1 (U49397) unknown [Streptococcus pyogenes] Length = 591
SEQ ID N° 1054	LM-842.1	Unknown	57	gi 1044888 emb CAA63151.1 (X92423) sepA [Listeria monocytogenes] Length = 391
SEQ ID N° 1055	LM-843.1	Unknown		No Hits found
SEQ ID N° 1056	LM-857.1	Unknown, similar to transcription regulator GntR family	48	gi 7443060 pir D70044 transcription regulator GntR family homolog - Bacillus subtilis yvoA
SEQ ID N° 1057	LM-858.1	Unknown, weakly similar to mannose-6-phosphate isomerase	40	gi 7480238 pir T37128 hypothetical protein SCJ4.45c - Streptomyces coelicolor

SEQ ID N° 1058	LM-879.1	Unknown	49	gi 3786190 emb CAA71106.1 (Y09988) hypothetical protein [Listeria ivanovii] Length = 171
SEQ ID N° 1059	LM-880.1	Unknown		No Hits found
SEQ ID N° 1060	LM-881.1	unknown		No Hits found
SEQ ID N° 1061	LM-896.1			No Hits found
SEQ ID N° 1062	LM-906.1	Unknown, conserved hypothetical protein	34	gi 7476217 pir B70617 hypothetical protein Rv0143c - Mycobacterium tuberculosis (strain H37RV)
SEQ ID N° 1063	LM-924.1	ABC-transporter ATP binding protein	60	gi 7479118 pir T34822 ABC-transporter ATP binding protein - Streptomyces coelicolor
SEQ ID N° 1064	LM-968.1	Unknown, similar to transposase	62	gi 929968 gb AAA74024.1 (U30713) ORFA [Bacillus anthracis]
SEQ ID N° 1065	LM-969.1	Unknown, similar to transposase (N-terminal part)	49	gi 7474337 pir H59102 hypothetical protein pXO1-96 - Bacillus anthracis virulence plasmid pXO1
SEQ ID N° 1066	LM-970.1	Unknown, similar to transposase C-terminal part	59	gi 7474337 pir H59102 hypothetical protein pXO1-96 - Bacillus anthracis virulence plasmid pXO1
SEQ ID N° 1067	LM-973.1	Unknown, similar to internalin proteins	24	gi 2347105 gb AAB67970.1 (U77368) inlD [Listeria monocytogenes] Length = 567

TABLEAU VI : Légendes

SEQ ID Nos. 2059 - 2601 : séquences nucléotidiques de 543 gènes spécifiques de *Listeria innocua* Clip11262 ; avec en première colonne l'identifiant SEQ ID, en seconde colonne le nom du gène, en troisième colonne le numéro d'IPF (N° identifiant « Institut Pasteur » permettant de corréler la séquence avec les séquences du tableau V) et en dernière colonne l'annotation correspondante.

5

TABLEAU VI

SEQ ID	Nom	IPF ID	Fonction
SEQ ID N° 2059	pli0001	4106.2	Unknown, similar to insertion sequence ATP binding protein
SEQ ID N° 2060	pli0002	6602.1	Unknown
SEQ ID N° 2061	pli0003	4103.1	Unknown, similar to transposase
SEQ ID N° 2062	pli0004	4102.1	Unknown, similar to DNA methylase
SEQ ID N° 2063	pli0005	4099.1	Unknown
SEQ ID N° 2064	pli0006	4098.1	Unknown
SEQ ID N° 2065	pli0007	4097.1	Unknown
SEQ ID N° 2066	pli0008	4095.1	Unknown, similar to unknown protein
SEQ ID N° 2067	pli0009	4092.1	Unknown, similar to unknown protein
SEQ ID N° 2068	pli0010	4088.1	Unknown
SEQ ID N° 2069	pli0011	4086.1	Unknown, hypothetical gene
SEQ ID N° 2070	pli0012	4084.1	Transposase
SEQ ID N° 2071	pli0013	4081.1	Unknown, similar to unknown protein
SEQ ID N° 2072	pli0014	4079.1	Unknown, similar to unknown protein
SEQ ID N° 2073	pli0015	4077.1	Unknown, similar to plasmid replication protein
SEQ ID N° 2074	pli0016	6241.1	Unknown, similar to transposase C-terminal part
SEQ ID N° 2075	pli0017	4073.1	Unknown
SEQ ID N° 2076	pli0018	4195.3	transposase (truncated)
SEQ ID N° 2077	pli0019	4194.3	Transposase, truncated
SEQ ID N° 2078	pli0020	4193.1	Unknown, similar to transposase
SEQ ID N° 2079	pli0021	4192.1	Unknown, similar to putative helicase
SEQ ID N° 2080	pli0022	4184.1	Unknown, similar to plasmid replication protein B
SEQ ID N° 2081	pli0023	4183.1	unknown, similar to plasmid replication initiation protein
SEQ ID N° 2082	pli0024	4182.1	Unknown, similar to transposase
SEQ ID N° 2083	pli0025	4181.1	Unknown, similar to transposase
SEQ ID N° 2084	pli0026	4179.1	Unknown, similar to gram positive plasmid replication protein B
SEQ ID N° 2085	pli0027	4178.1	Unknown, similar to helicase
SEQ ID N° 2086	pli0028	6113.2	Transposase
SEQ ID N° 2087	pli0029	6111.1	Unknown, similar to DNA methyltransferase

SEQ ID N° 2088	pli0030	6109.1	Unknown
SEQ ID N° 2089	pli0031	6606.1	Unknown
SEQ ID N° 2090	pli0032	6106.2	Transposase
SEQ ID N° 2091	pli0033	6128.2	Pseudogene, similar to C-terminal part of arsenite-translocating ATPase
SEQ ID N° 2092	pli0034	6127.1	Unknown, similar to arsenical resistance operon repressor
SEQ ID N° 2093	pli0035	6126.1	unknown, similar to arsenical resistance operon trans-acting repressor ArsD
SEQ ID N° 2094	pli0036	6125.1	Unknown, similar to arsenical resistance operon repressor
SEQ ID N° 2095	pli0037	6124.1	Unknown, similar to arsenical pump-driving ATPase
SEQ ID N° 2096	pli0038	6122.1	unknown, similar to possible arsenic resistance membrane transport protein ArsB
SEQ ID N° 2097	pli0039	6120.1	Unknown, similar to heavy metal membrane efflux protein
SEQ ID N° 2098	pli0040	6118.1	Unknown, similar to flavoprotein oxidoreductase
SEQ ID N° 2099	pli0041	6115.1	Unknown, similar to ABC transporter ATP-binding protein
SEQ ID N° 2100	pli0042	6605.1	Similar to transposase, N-terminal part
SEQ ID N° 2101	pli0043	4177.2	Transposase
SEQ ID N° 2102	pli0044	4175.1	Unknown, similar to NADH peroxidase
SEQ ID N° 2103	pli0045	4174.1	Pseudogene, similar to glycine-betaine binding protein (ABC transporter)
SEQ ID N° 2104	pli0046	4170.1	Unknown, hypothetical protein
SEQ ID N° 2105	pli0047	4169.1	Unknown
SEQ ID N° 2106	pli0048	4168.1	Unknown, similar to heavy metal-transporting ATPase
SEQ ID N° 2107	pli0049	4166.1	Transposase
SEQ ID N° 2108	pli0050	4164.1	Unknown, similar to the two components sensor protein kdpD
SEQ ID N° 2109	pli0051	4160.1	Unknown, similar to the two components response regulator KdpE
SEQ ID N° 2110	pli0052	4158.1	Unknown, similar to potassium-transporting atpase a chain
SEQ ID N° 2111	pli0053	4157.1	Unknown, similar to potassium-transporting atpase b chain
SEQ ID N° 2112	pli0054	4154.1	Unknown
SEQ ID N° 2113	pli0055	4153.1	Unknown, similar to potassium-transporting atpase c chain
SEQ ID N° 2114	pli0056	4150.1	Unknown, similar to resolvase/integrase
SEQ ID N° 2115	pli0057	4148.1	Unknown, similar to DNA transposition protein
SEQ ID N° 2116	pli0058	4147.1	Unknown, similar to transposase
SEQ ID N° 2117	pli0059	4146.1	Unknown, similar to invertase
SEQ ID N° 2118	pli0060	4145.1	Unknown, similar to cadmium resistance accessory protein
SEQ ID N° 2119	pli0062	4140.1	Unknown, similar to unknown protein
SEQ ID N° 2120	pli0063	4139.1	Unknown, similar to transposase

SEQ ID N° 2121	pli0064	4138.1	Unknown, similar to unknown protein
SEQ ID N° 2122	pli0065	4137.1	Unknown
SEQ ID N° 2123	pli0066	4136.1	Unknown
SEQ ID N° 2124	pli0067	4135.1	Unknown, similar to UV-damage repair protein
SEQ ID N° 2125	pli0068	4132.1	Unknown, similar to unknown protein
SEQ ID N° 2126	pli0069	4130.1	Unknown, similar to plasmid copy control protein repB
SEQ ID N° 2127	pli0070	4128.1	Unknown, similar to plasmid replication protein
SEQ ID N° 2128	pli0071	4124.1	Unknown, similar to transposase
SEQ ID N° 2129	pli0072	4123.1	Unknown, similar to transposase
SEQ ID N° 2130	pli0073	4122.1	unknown
SEQ ID N° 2131	pli0074	4121.1	Unknown
SEQ ID N° 2132	pli0075	4120.1	Unknown
SEQ ID N° 2133	pli0076	4116.1	Transposase
SEQ ID N° 2134	pli0077	4113.1	Unknown, similar to transposase N-terminal part
SEQ ID N° 2135	pli0078	4112.1	Unknown, similar to enolase (phosphopyruvate hydratase), truncated C-terminal end
SEQ ID N° 2136	pli0079	4111.1	Unknown, similar to Na ⁺ /H ⁺ antiporter
SEQ ID N° 2137	pli0080	4107.2	Unknown
SEQ ID N° 2138	Lin0059	4543.1	Unknown
SEQ ID N° 2139	Lin0060	4535.1	unknown
SEQ ID N° 2140	Lin0061	4533.1	unknown, hypothetical protein
SEQ ID N° 2141	Lin0062	4532.1	unknown, hypothetical protein
SEQ ID N° 2142	Lin0063	4531.1	Unknown, pseudogene
SEQ ID N° 2143	Lin0064	4522.1	unknown
SEQ ID N° 2144	Lin0065	4521.1	unknown
SEQ ID N° 2145	Lin0066	4520.1	Unknown
SEQ ID N° 2146	Lin0071	4508.1	Unknown, similar to integrase
SEQ ID N° 2147	Lin0072	4506.1	unknown
SEQ ID N° 2148	Lin0073	4503.2	Unknown, similar to a putative repressor protein [Bacteriophage A118]
SEQ ID N° 2149	Lin0074	6149.2	unknown, highly similar to gp37 [Bacteriophage A118]
SEQ ID N° 2150	Lin0075	6148.2	unknown, highly similar to gp37-1 [Bacteriophage A118]
SEQ ID N° 2151	Lin0076	6544.1	Unknown
SEQ ID N° 2152	Lin0077	6317.1	unknown, identical to gp40 [Bacteriophage A118]
SEQ ID N° 2153	Lin0079	6145.1	unknown

SEQ ID N° 2154	Lin0080	6144.1	unknown, similar to anti-repressor [Bacteriophage A118]
SEQ ID N° 2155	Lin0081	6142.1	unknown, highly similar to gp43 [Bacteriophage A118]
SEQ ID N° 2156	Lin0082	6453.2	Unknown
SEQ ID N° 2157	Lin0083	6139.1	unknown, highly similar to gp45 [Bacteriophage A118]
SEQ ID N° 2158	Lin0084	6138.3	unknown, highly similar to gp47 [Bacteriophage A118]
SEQ ID N° 2159	Lin0085	6136.2	putative recombinase [Bacteriophage A118]
SEQ ID N° 2160	Lin0086	3386.1	Unknown, similar to protein gp49
SEQ ID N° 2161	Lin0087	6543.1	Unknown, similar to phage protein
SEQ ID N° 2162	Lin0089	3379.1	unknown, similar to gp51 [Bacteriophage A118]
SEQ ID N° 2163	Lin0090	3378.1	unknown,
SEQ ID N° 2164	Lin0091	3375.1	unknown, similar to phage proteins
SEQ ID N° 2165	Lin0092	6542.1	Unknown
SEQ ID N° 2166	Lin0093	3374.1	unknown
SEQ ID N° 2167	Lin0094	3373.1	unknown, highly similar to gp55 [Bacteriophage A118]
SEQ ID N° 2168	Lin0095	3371.1	unknown, highly similar to gp59 [Bacteriophage A118]
SEQ ID N° 2169	Lin0096	3370.1	unknown
SEQ ID N° 2170	Lin0102	3363.1	unknown
SEQ ID N° 2171	Lin0103	3362.1	unknown
SEQ ID N° 2172	Lin0104	3361.1	unknown, highly similar to putative terminase
SEQ ID N° 2173	Lin0109	3354.1	unknown, highly similar to major capsid protein [Bacteriophage A118]
SEQ ID N° 2174	Lin0110	6540.1	Protein gp7 [Bacteriophage A118]
SEQ ID N° 2175	Lin0116	3345.1	unknown, highly similar to gp13
SEQ ID N° 2176	Lin0120	3333.1	unknown, highly similar to gp17
SEQ ID N° 2177	Lin0121	3330.1	unknown, highly similar to gp18
SEQ ID N° 2178	Lin0122	3329.1	unknown, highly similar to gp19
SEQ ID N° 2179	Lin0123	3326.1	unknown, similar to gp20 [Bacteriophage A118]
SEQ ID N° 2180	Lin0124	3325.1	Unknown
SEQ ID N° 2181	Lin0125	6539.1	Unknown
SEQ ID N° 2182	Lin0128	3320.1	L-alanoyl-D-glutamate peptidase
SEQ ID N° 2183	Lin0129	3319.1	[Bacteriophage A500 from Listeria]
SEQ ID N° 2184	Lin0140	3291.1	Unknown
SEQ ID N° 2185	Lin0141	3290.1	Unknown, putative peptidoglycan bound protein
SEQ ID N° 2186	Lin0142	3283.1	(LPXTG motif)
			unknown

SEQ ID N° 2187	Lin0148	3273.1	Unknown, similar to unknown protein
SEQ ID N° 2188	Lin0154	3255.1	Unknown, similar to unknown protein
SEQ ID N° 2189	Lin0167	3232.1	Unknown
SEQ ID N° 2190	Lin0187	3183.1	Unknown
SEQ ID N° 2191	Lin0188	3180.1	Unknown
SEQ ID N° 2192	Lin0189	6538.1	Unknown
SEQ ID N° 2193	Lin0197	3160.1	unknown, similar to chloromuconate cycloisomerase ykfB of <i>B. subtilis</i>
SEQ ID N° 2194	Lin0198	3159.1	unknown, P45 related protein
SEQ ID N° 2195	Lin0199	3157.1	unknown, some similarities to probable beta-lactamase
SEQ ID N° 2196	Lin0200	3152.1	Unknown, similar to ABC transporter oligopeptide-binding protein
SEQ ID N° 2197	Lin0201	3148.1	Unknown, similar to dipeptide ABC transporter
SEQ ID N° 2198	Lin0202	3147.1	unknown, surface anchored protein (LPXTG motif)
SEQ ID N° 2199	Lin0290	1614.1	unknown, internalin like protein (LPXTG motif)
SEQ ID N° 2200	Lin0295	1601.1	Unknown, similar to internalin proteins
SEQ ID N° 2201	Lin0307	1578.1	unknown, similar to ABC transporters (ATP-binding protein)
SEQ ID N° 2202	Lin0308	1577.1	unknown, similar to hypothetical proteins
SEQ ID N° 2203	Lin0332	1526.1	unknown, similar to putative permeases
SEQ ID N° 2204	Lin0338	1513.1	unknown
SEQ ID N° 2205	Lin0345	1492.1	unknown
SEQ ID N° 2206	Lin0349	1484.1	Unknown
SEQ ID N° 2207	Lin0357	1466.1	Unknown
SEQ ID N° 2208	Lin0372	1442.1	unknown, probable cell surface protein (LPXTG motif)
SEQ ID N° 2209	Lin0397	1390.1	unknown
SEQ ID N° 2210	Lin0398	1389.1	unknown
SEQ ID N° 2211	Lin0399	1388.1	unknown
SEQ ID N° 2212	Lin0415	1348.1	unknown, probable cell surface protein (LPXTG motif)
SEQ ID N° 2213	Lin0416	1346.1	Unknown, similar to transcription regulator
SEQ ID N° 2214	Lin0417	1345.1	Unknown, similar to unknown protein
SEQ ID N° 2215	Lin0418	1344.1	Unknown, similar to ABC transporter, ATP-binding protein
SEQ ID N° 2216	Lin0419	1342.1	Unknown, similar to ABC transporter, ATP-binding protein
SEQ ID N° 2217	Lin0426	1323.1	Unknown
SEQ ID N° 2218	Lin0453	1260.1	unknown
SEQ ID N° 2219	Lin0454	1259.1	unknown, similar to cell wall-associated protein precursor wapA (<i>B. subtilis</i>)

SEQ ID N° 2220	Lin0455	1239.1	unknown
SEQ ID N° 2221	Lin0456	1236.1	unknown
SEQ ID N° 2222	Lin0464	1216.1	Unknown, similar to putative transcription regulator
SEQ ID N° 2223	Lin0465	1215.1	unknown, conserved hypothetical protein, similar to yoaZ <i>B. subtilis</i>
SEQ ID N° 2224	Lin0476	1191.1	unknown
SEQ ID N° 2225	Lin0477	1188.1	unknown
SEQ ID N° 2226	Lin0478	1186.1	unknown
SEQ ID N° 2227	Lin0479	1183.1	Unknown
SEQ ID N° 2228	Lin0480	6504.1	Unknown, putative secreted protein
SEQ ID N° 2229	Lin0481	6525.1	pseudogene
SEQ ID N° 2230	Lin0486	1171.1	unknown, similar to unknown proteins
SEQ ID N° 2231	Lin0510	1125.1	Unknown
SEQ ID N° 2232	Lin0521	1096.1	Unknown, similar to HsdR type IC restriction subunit
SEQ ID N° 2233	Lin0522	1091.1	Unknown, similar to HsdM type IC modification subunit
SEQ ID N° 2234	Lin0523	1088.1	Unknown, similar to specificity determinant HsdS
SEQ ID N° 2235	Lin0524	1087.1	Unknown, similar to bacteriophage integrase
SEQ ID N° 2236	Lin0525	1086.1	Unknown, similar to specificity determinant HsdS
SEQ ID N° 2237	Lin0553	1021.1	Unknown, similar to internalin protein
SEQ ID N° 2238	Lin0554	1018.1	unknown, probable cell surface protein (LPXTG motif)
SEQ ID N° 2239	Lin0557	1012.1	Unknown
SEQ ID N° 2240	Lin0558	1010.1	Unknown, similar to internalin protein
SEQ ID N° 2241	Lin0559	1007.1	unknown, probable cell surface protein (LPXTG motif)
SEQ ID N° 2242	Lin0560	1005.1	Unknown
SEQ ID N° 2243	Lin0561	1004.1	Unknown, similar to unknown protein
SEQ ID N° 2244	Lin0661	815.1	unknown, internalin like protein (LPXTG motif)
SEQ ID N° 2245	Lin0665	805.1	unknown, highly similar to ORFA of <i>Listeria seeligeri</i> , (LPXTG motif)
SEQ ID N° 2246	Lin0677	781.1	unknown, conserved hypothetical protein
SEQ ID N° 2247	Lin0678	779.1	Unknown
SEQ ID N° 2248	Lin0679	776.1	Unknown, similar to unknown protein
SEQ ID N° 2249	Lin0739	652.1	unknown, internalin like protein (LPXTG)
SEQ ID N° 2250	Lin0740	648.1	unknown, probable cell surface protein (LPXTG motif)
SEQ ID N° 2251	Lin0746	639.1	Unknown, similar to ABC transporter, ATP-binding protein (truncated, N-terminal part)
SEQ ID N° 2252	Lin0772	589.1	unknown

SEQ ID N° 2253	Lin0801	529.1	unknown, similar to two-component response regulators
SEQ ID N° 2254	Lin0802	528.2	unknown, similar to two-component sensor histidine kinases
SEQ ID N° 2255	Lin0803	526.1	Unknown, surface protein (LPXTG motif)
SEQ ID N° 2256	Lin0804	523.1	Unknown, similar to unknown protein
SEQ ID N° 2257	Lin0805	522.1	Unknown, similar to oxidoreductase
SEQ ID N° 2258	Lin0806	521.1	Unknown, similar to transcriptional regulator, MerR family
SEQ ID N° 2259	Lin0822	485.1	Unknown, similar to transport protein (Truncated, N-terminal part)
SEQ ID N° 2260	Lin0823	484.1	Unknown, similar to transport protein (truncated, C-terminal part)
SEQ ID N° 2261	Lin0827	472.1	unknown, similar to transposase
SEQ ID N° 2262	Lin0833	457.1	unknown
SEQ ID N° 2263	Lin0834	455.1	unknown, some similarities to hypothetical proteins
SEQ ID N° 2264	Lin0835	454.1	unknown
SEQ ID N° 2265	Lin0842	440.1	Unknown, similar to amidases
SEQ ID N° 2266	Lin0864	395.1	Unknown, similar to transcription regulator
SEQ ID N° 2267	Lin0865	394.1	unknown, hypothetical protein
SEQ ID N° 2268	Lin0866	392.1	unknown, similar to ABC transporters, ATP-binding protein homologue
SEQ ID N° 2269	Lin0867	391.1	unknown
SEQ ID N° 2270	Lin0868	390.1	unknown
SEQ ID N° 2271	Lin0877	372.1	unknown (truncated, N-terminal part)
SEQ ID N° 2272	Lin0878	371.1	unknown (truncated, C-terminal part)
SEQ ID N° 2273	Lin0903	325.1	Unknown, truncated N-terminal part
SEQ ID N° 2274	Lin0904	324.1	Unknown (truncated, C-terminal end)
SEQ ID N° 2275	Lin0915	302.1	Unknown, similar to phosphotransferase system enzyme IIC (truncated, N-terminal end)
SEQ ID N° 2276	Lin0916	301.1	Unknown, similar to phosphotransferase system enzyme IIC (truncated, C-terminal end)
SEQ ID N° 2277	Lin0940	6518.1	unknown, similar to heat shock protein HtpG (truncated, C-terminal part)
SEQ ID N° 2278	Lin1056	36.1	unknown
SEQ ID N° 2279	Lin1064	20.1	unknown, similar to autolysin (amidase)
SEQ ID N° 2280	Lin1065	17.3	Unknown
SEQ ID N° 2281	Lin1066	14.4	unknown, similar to dolichol phosphate mannose synthase
SEQ ID N° 2282	Lin1067	13.1	unknown
SEQ ID N° 2283	Lin1068	12.1	unknown, similar to hypothetical protein 3 (capsulation locus) of Haemophilus influenzae
SEQ ID N° 2284	Lin1069	9.1	unknown
SEQ ID N° 2285	Lin1073	3.1	unknown, similar to galactosamine-containing minor teichoic acid biosynthesis protein GgaA

SEQ ID N° 2286	Lin1074	2.2	Unknown, similar to B. subtilis TagF protein (probable CDPglycerol glycerophosphotransferase)
SEQ ID N° 2287	Lin1075	4502.2	unknown, similar to teichoic acid biosynthesis protein B precursor
SEQ ID N° 2288	Lin1082	4486.1	unknown
SEQ ID N° 2289	Lin1083	4485.1	unknown
SEQ ID N° 2290	Lin1084	4484.1	Unknown
SEQ ID N° 2291	Lin1085	4483.1	unknown
SEQ ID N° 2292	Lin1086	4482.1	unknown
SEQ ID N° 2293	Lin1090	4478.1	unknown
SEQ ID N° 2294	Lin1091	4477.1	unknown
SEQ ID N° 2295	Lin1099	4460.1	unknown
SEQ ID N° 2296	Lin1100	4459.1	unknown
SEQ ID N° 2297	Lin1177	4309.1	unknown
SEQ ID N° 2298	Lin1204	4232.1	unknown, similar to internalin proteins (LPXTG motif)
SEQ ID N° 2299	Lin1209	4220.1	unknown
SEQ ID N° 2300	Lin1210	4219.1	unknown
SEQ ID N° 2301	Lin1211	4218.1	unknown
SEQ ID N° 2302	Lin1212	4217.1	unknown
SEQ ID N° 2303	Lin1220	6513.1	Unknown
SEQ ID N° 2304	Lin1231	6002.1	Unknown, similar to site-specific recombinase for integration and excision [bacteriophage phi-105]
SEQ ID N° 2305	Lin1232	6003.1	Unknown, similar to unknown protein
SEQ ID N° 2306	Lin1233	6005.1	Unknown, similar to bacteriophage phi-105 ORF2 protein
SEQ ID N° 2307	Lin1234	6006.4	Unknown, similar to immunity repressor [bacteriophage phi-105]
SEQ ID N° 2308	Lin1235	6007.4	Unknown, similar to transcription regulator
SEQ ID N° 2309	Lin1236	6189.4	Unknown
SEQ ID N° 2310	Lin1237	6512.2	Unknown
SEQ ID N° 2311	Lin1238	6511.1	Unknown
SEQ ID N° 2312	Lin1239	6188.1	Unknown
SEQ ID N° 2313	Lin1240	6186.1	Unknown
SEQ ID N° 2314	Lin1241	6185.5	Unknown, similar to bacteriophage protein
SEQ ID N° 2315	Lin1242	6658.1	unknown, some similarities to phage related proteins
SEQ ID N° 2316	Lin1243	6659.1	unknown, similar to hypothetical protein 44 - Staphylococcus aureus phage phi PVL
SEQ ID N° 2317	Lin1244	6660.1	unknown
SEQ ID N° 2318	Lin1245	6661.1	unknown, similarities Staphylococcus aureus prophage phiPV83

SEQ ID N° 2319	Lin1246	6662.1	unknown
SEQ ID N° 2320	Lin1247	6663.1	unknown
SEQ ID N° 2321	Lin1248	6664.1	unknown, similar to hypothetical protein, Staphylococcus aureus phage phi PVL
SEQ ID N° 2322	Lin1249	6665.1	unknown
SEQ ID N° 2323	Lin1250	6666.1	unknown
SEQ ID N° 2324	Lin1251	6667.1	Unknown
SEQ ID N° 2325	Lin1252	6668.1	Unknown
SEQ ID N° 2326	Lin1253	6669.1	Unknown
SEQ ID N° 2327	Lin1254	6670.1	unknown, similar to phage integrase proteins
SEQ ID N° 2328	Lin1255	6671.1	unknown
SEQ ID N° 2329	Lin1256	6040.3	Unknown
SEQ ID N° 2330	Lin1257	2999.2	Unknown
SEQ ID N° 2331	Lin1258	2998.1	Unknown
SEQ ID N° 2332	Lin1259	2997.1	Unknown, similar to protein gp66 [Bacteriophage A118]
SEQ ID N° 2333	Lin1260	6202.2	unknown, similar to probable antirepressor - Bacillus subtilis phage SPBc2
SEQ ID N° 2334	Lin1261	5611.4	Unknown
SEQ ID N° 2335	Lin1262	5609.3	Unknown
SEQ ID N° 2336	Lin1263	6588.1	Unknown
SEQ ID N° 2337	Lin1264	5606.1	Unknown
SEQ ID N° 2338	Lin1265	5605.1	Unknown
SEQ ID N° 2339	Lin1266	5604.1	Unknown, similar to phage protein
SEQ ID N° 2340	Lin1267	5602.1	Unknown, similar to a B. subtilis PBSX phage protein
SEQ ID N° 2341	Lin1268	5600.1	Unknown, similar to a B. subtilis PBSX phage protein
SEQ ID N° 2342	Lin1269	5597.1	Unknown, similar to unknown protein
SEQ ID N° 2343	Lin1270	5593.1	Unknown, similar to a B. subtilis PBSX phage protein
SEQ ID N° 2344	Lin1271	5590.1	Unknown, similar to a B. subtilis PBSX phage protein
SEQ ID N° 2345	Lin1272	6394.1	unknown
SEQ ID N° 2346	Lin1273	5587.1	Unknown, similar to unknown protein
SEQ ID N° 2347	Lin1274	5586.1	Unknown, similar to a B. subtilis PBSX phage protein
SEQ ID N° 2348	Lin1275	5584.1	Unknown, similar to a B. subtilis PBSX phage protein
SEQ ID N° 2349	Lin1276	5583.1	Unknown, similar to a B. subtilis PBSX phage protein
SEQ ID N° 2350	Lin1277	5580.1	unknown

SEQ ID N° 2351	Lin1278	5579.1	Unknown, similar to a B. subtilis PBSX phage protein
SEQ ID N° 2352	Lin1279	5577.1	Unknown, similar to a B. subtilis PBSX phage protein
SEQ ID N° 2353	Lin1280	5576.1	Unknown, similar to a B. subtilis PBSX phage protein
SEQ ID N° 2354	Lin1281	6636.1	Unknown, similar to phage protein (truncated, C-terminal end)
SEQ ID N° 2355	Lin1282	5575.1	Unknown, similar to phage proteins
SEQ ID N° 2356	Lin1283	5569.1	Unknown, similar to a B. subtilis PBSX prophage protein
SEQ ID N° 2357	Lin1284	5568.1	Unknown, similar to a B. subtilis PBSX prophage protein
SEQ ID N° 2358	Lin1285	5567.1	Unknown, similar to a B. subtilis PBSX prophage protein
SEQ ID N° 2359	Lin1286	5565.1	Unknown, similar to a B. subtilis PBSX prophage protein
SEQ ID N° 2360	Lin1287	5564.1	Unknown, similar to a B. subtilis PBSX prophage protein
SEQ ID N° 2361	Lin1288	5561.1	Unknown, similar to a B. subtilis PBSX prophage protein
SEQ ID N° 2362	Lin1289	5560.1	Unknown, similar to unknown protein
SEQ ID N° 2363	Lin1290	5558.1	Unknown
SEQ ID N° 2364	Lin1291	5556.1	Unknown
SEQ ID N° 2365	Lin1292	6589.1	Unknown
SEQ ID N° 2366	Lin1293	5555.1	Unknown
SEQ ID N° 2367	Lin1294	5553.1	Unknown
SEQ ID N° 2368	Lin1295	5551.1	Unknown, similar to holin
SEQ ID N° 2369	Lin1296	5550.1	unknown, similar to hypothetical protein - phage SPP1
SEQ ID N° 2370	Lin1297	6590.1	Unknown, similar to Portein gp28 [Bacteriophage A118]
SEQ ID N° 2371	Lin1298	5546.1	unknown
SEQ ID N° 2372	Lin1299	5545.1	unknown
SEQ ID N° 2373	Lin1300	5543.1	unknown
SEQ ID N° 2374	Lin1301	5541.1	Unknown
SEQ ID N° 2375	Lin1302	6591.1	Unknown
SEQ ID N° 2376	Lin1328	5484.1	unknown, internalin like protein (LPXTG motif)
SEQ ID N° 2377	Lin1378	6432.2	Unknown, weakly similar to B. subtilis comG operon protein 7 (comGG)
SEQ ID N° 2378	Lin1379	2316.2	Unknown, similar to B. subtilis comG operon protein 6
SEQ ID N° 2379	Lin1381	2318.1	Unknown, similar to comG operon protein 4 (comGD)
SEQ ID N° 2380	Lin1450	2451.1	Unknown
SEQ ID N° 2381	Lin1451	2455.1	Unknown
SEQ ID N° 2382	Lin1452	2456.1	unknown

SEQ ID N° 2383	Lin1618	2777.1	Unknown, similar to a protein encoded by Th916
SEQ ID N° 2384	Lin1619	2778.1	Unknown
SEQ ID N° 2385	Lin1620	2779.1	Unknown, similar to putative iron-sulfur flavoprotein
SEQ ID N° 2386	Lin1621	2781.1	unknown, similar to ketoacyl reductases
SEQ ID N° 2387	Lin1622	2783.1	Unknown, similar to transcriptional regulator (MerR family)
SEQ ID N° 2388	Lin1623	2785.1	Unknown, similar to site-specific recombinase tnpX - Clostridium perfringens transposon Tn4451 (N terminal part)
SEQ ID N° 2389	Lin1624	2788.1	unknown, similar to site-specific recombinase tnpX - Clostridium perfringens transposon Tn4451
SEQ ID N° 2390	Lin1695	2923.1	Unknown, similar to unknown protein
SEQ ID N° 2391	Lin1696	2924.1	unknown
SEQ ID N° 2392	Lin1700	2934.1	Unknown, similar to N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase (N-terminal part) and to L-alanoyl-D-glutamate peptidase (C-terminal part)
SEQ ID N° 2393	Lin1701	6597.1	Unknown
SEQ ID N° 2394	Lin1702	6598.1	Unknown similar to holin from bacteriophage
SEQ ID N° 2395	Lin1703	2937.1	unknown
SEQ ID N° 2396	Lin1704	2939.1	Unknown
SEQ ID N° 2397	Lin1705	2940.1	Unknown
SEQ ID N° 2398	Lin1706	6599.1	Unknown, similar to protein gp22 [Bacteriophage A118]
SEQ ID N° 2399	Lin1707	2941.1	Unknown
SEQ ID N° 2400	Lin1708	2942.1	Unknown
SEQ ID N° 2401	Lin1709	2943.1	Unknown
SEQ ID N° 2402	Lin1710	2944.2	Unknown, similar to unknown protein
SEQ ID N° 2403	Lin1711	2945.2	Unknown
SEQ ID N° 2404	Lin1712	2946.2	Unknown
SEQ ID N° 2405	Lin1713	2947.1	Unknown
SEQ ID N° 2406	Lin1714	2949.1	Unknown
SEQ ID N° 2407	Lin1715	2950.1	Unknown
SEQ ID N° 2408	Lin1716	2958.1	Unknown, similar to minor capsid protein 1608 - Lactobacillus phage phi-gle
SEQ ID N° 2409	Lin1717	2959.1	Unknown
SEQ ID N° 2410	Lin1718	2961.1	unknown
SEQ ID N° 2411	Lin1719	2964.1	unknown
SEQ ID N° 2412	Lin1720	2966.1	unknown, weakly similar to hypothetical protein of bacteriophage Felix 01
SEQ ID N° 2413	Lin1721	2967.1	unknown

SEQ ID N° 2414	Lin1722	2968.1	unknown	
SEQ ID N° 2415	Lin1723	2969.1	unknown	
SEQ ID N° 2416	Lin1724	2970.1	unknown	
SEQ ID N° 2417	Lin1725	2973.1	unknown	
SEQ ID N° 2418	Lin1726	2975.1	unknown, similar to hypothetical proteins	
SEQ ID N° 2419	Lin1727	2976.1	unknown	
SEQ ID N° 2420	Lin1728	2978.1	unknown, similar to hypothetical proteins	
SEQ ID N° 2421	Lin1729	6600.1	Unknown	
SEQ ID N° 2422	Lin1730	2981.1	unknown, some similarities to plasmid-related proteins	
SEQ ID N° 2423	Lin1731	2982.1	unknown, some similarities to conserved hypothetical proteins	
SEQ ID N° 2424	Lin1732	2985.1	unknown, some similarities to phage related proteins	
SEQ ID N° 2425	Lin1733	2987.1	unknown, weakly similar to phage related proteins	
SEQ ID N° 2426	Lin1734	2988.1	unknown	
SEQ ID N° 2427	Lin1735	2989.1	Unknown	
SEQ ID N° 2428	Lin1736	6601.1	Unknown	
SEQ ID N° 2429	Lin1737	2993.1	unknown, weakly similar to methyltransferases	
SEQ ID N° 2430	Lin1738	2995.3	Unknown, similar to a putative antirepressor [Bacteriophage SPBc2]	
SEQ ID N° 2431	Lin1739	6045.4	unknown, similar to protein gp66 of Bacteriophage A118	
SEQ ID N° 2432	Lin1740	6043.1	unknown, similar to hypothetical protein of Lactobacillus phage phi-gle	
SEQ ID N° 2433	Lin1741	6042.1	unknown, similar to hypothetical protein from phage P2	
SEQ ID N° 2434	Lin1742	6038.1	unknown	
SEQ ID N° 2435	Lin1743	6037.1	unknown, similar to phage integrase proteins	
SEQ ID N° 2436	Lin1744	6035.1	unknown	
SEQ ID N° 2437	Lin1745	6032.1	unknown	
SEQ ID N° 2438	Lin1746	6574.1	Unknown	
SEQ ID N° 2439	Lin1747	6030.1	unknown	
SEQ ID N° 2440	Lin1748	6029.1	unknown	
SEQ ID N° 2441	Lin1749	6028.1	unknown, similar to hypothetical protein, Staphylococcus aureus phage phi PVL	
SEQ ID N° 2442	Lin1750	6027.1	unknown	
SEQ ID N° 2443	Lin1751	6026.1	unknown	
SEQ ID N° 2444	Lin1752	6025.1	unknown, similarities Staphylococcus aureus prophage phiPV83	
SEQ ID N° 2445	Lin1753	6021.1	unknown	
SEQ ID N° 2446	Lin1754	6019.1	unknown, similar to hypothetical protein 44 - Staphylococcus aureus phage phi PVL	

SEQ ID N° 2447	Lin1755	6018.1	unknown, some similarities to phage related proteins
SEQ ID N° 2448	Lin1756	6016.1	unknown, similar to hypothetical protein of Staphylococcus aureus phage phi PVL
SEQ ID N° 2449	Lin1757	6015.1	unknown
SEQ ID N° 2450	Lin1758	6575.1	Unknown
SEQ ID N° 2451	Lin1759	6012.1	unknown
SEQ ID N° 2452	Lin1760	6009.4	Unknown, similar to protein gp43 [Bacteriophage A118]
SEQ ID N° 2453	Lin1761	6291.1	Unknown, similar to transcription regulator
SEQ ID N° 2454	Lin1762	5937.2	Unknown, similar to immunity repressor protein - Bacillus phage phi-105
SEQ ID N° 2455	Lin1763	5935.2	Unknown, similar to ORF2 [bacteriophage phi-105]
SEQ ID N° 2456	Lin1764	5934.1	Unknown, Listeria prophage protein
SEQ ID N° 2457	Lin1765	5933.1	Unknown, similar to integrase
SEQ ID N° 2458	Lin1768	5926.1	unknown, similar to Antigen C
SEQ ID N° 2459	Lin1811	5313.1	unknown, similar to unknown proteins
SEQ ID N° 2460	Lin1812	5315.1	Unknown, similar to excinuclease ABC (subunit A) (truncated, C-terminal end)
SEQ ID N° 2461	Lin1813	5317.1	Unknown, similar to excinuclease ABC subunit A
SEQ ID N° 2462	Lin1814	5319.1	unknown, similar to putative AraC-type regulators
SEQ ID N° 2463	Lin1898	4696.1	Unknown, similar to putative NAD(P)H oxidoreductase
SEQ ID N° 2464	Lin1899	4697.1	Unknown, similar to unknown protein
SEQ ID N° 2465	Lin1955	4817.1	unknown
SEQ ID N° 2466	Lin2001	4896.2	Unknown, hypothetical CDS
SEQ ID N° 2467	Lin2100	5275.3	unknown, similar to p60-related proteins
SEQ ID N° 2468	Lin2210	6700.1	Unknown
SEQ ID N° 2469	Lin2281	3752.1	unknown, probable cell surface protein (LPXTG motif)
SEQ ID N° 2470	Lin2344	5982.1	Unknown, similar to O6-methylguanine-DNA methyltransferase
SEQ ID N° 2471	Lin2371	4069.2	Unknown, similar to competence transcription factor ComK, N terminal part
SEQ ID N° 2472	Lin2373	4899.3	Unknown, similar to AbiD phage protein
SEQ ID N° 2473	Lin2374	4066.1	Unknown, similar to N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase (N-terminal part) and to L-alanyl-D-glutamate peptidase (C-terminal part)
SEQ ID N° 2474	Lin2375	4065.1	unknown, similar to phage related proteins
SEQ ID N° 2475	Lin2376	4062.1	Unknown
SEQ ID N° 2476	Lin2377	6565.1	Unknown
SEQ ID N° 2477	Lin2378	6199.6	Unknown
SEQ ID N° 2478	Lin2379	6046.2	Unknown, similar to protein gp20 [Bacteriophage A118]

SEQ ID N° 2479	Lin2380	6050.1	Unknown, similar to protein gp19 [Bacteriophage A118]
SEQ ID N° 2480	Lin2381	6051.1	Unknown, similar to protein R372 - Lactobacillus phage phi-gle
SEQ ID N° 2481	Lin2382	6052.1	Unknown, similar to gp17 [Bacteriophage A118]
SEQ ID N° 2482	Lin2383	6059.1	unknown, similar to hypothetical protein [Lactobacillus casei bacteriophage A2]
SEQ ID N° 2483	Lin2384	6063.1	Unknown
SEQ ID N° 2484	Lin2385	6066.1	Unknown, similar to protein gp13 [Bacteriophage A118]
SEQ ID N° 2485	Lin2386	6068.1	Unknown
SEQ ID N° 2486	Lin2387	6070.1	Unknown
SEQ ID N° 2487	Lin2388	6071.1	Unknown
SEQ ID N° 2488	Lin2389	6572.1	Unknown
SEQ ID N° 2489	Lin2390	6075.1	Unknown, similar to main capsid protein Gp34 - Lactobacillus delbrueckii subsp. bulgaricus phage mv4
SEQ ID N° 2490	Lin2391	6076.1	Unknown
SEQ ID N° 2491	Lin2392	6078.1	Unknown, similar to protein gp4 [Bacteriophage A118]
SEQ ID N° 2492	Lin2393	6081.1	unknown
SEQ ID N° 2493	Lin2394	6084.1	unknown
SEQ ID N° 2494	Lin2395	6085.1	unknown, some similarities to phage-related terminase small subunit homolog yqaS
SEQ ID N° 2495	Lin2396	6086.1	Unknown
SEQ ID N° 2496	Lin2397	6087.1	unknown, similar to sigma factor-like positive control protein of B. subtilis
SEQ ID N° 2497	Lin2398	6570.1	Unknown, hypothetical gene
SEQ ID N° 2498	Lin2399	6090.1	unknown
SEQ ID N° 2499	Lin2400	6092.1	Unknown, similar to Lactococcus lactis prophage pi3 protein 45
SEQ ID N° 2500	Lin2401	6569.1	Unknown
SEQ ID N° 2501	Lin2402	6093.1	unknown, similar to single-stranded DNA-binding protein
SEQ ID N° 2502	Lin2403	6096.1	unknown
SEQ ID N° 2503	Lin2404	6099.1	unknown
SEQ ID N° 2504	Lin2405	6101.1	unknown
SEQ ID N° 2505	Lin2406	6502.1	Protein gp52 [Bacteriophage A118]
SEQ ID N° 2506	Lin2407	6104.2	pseudogene
SEQ ID N° 2507	Lin2408	6698.1	Unknown
SEQ ID N° 2508	Lin2409	3995.1	unknown, similar to integrase proteins
SEQ ID N° 2509	Lin2410	6131.2	unknown, similar to phage related proteins
SEQ ID N° 2510	Lin2411	6132.1	unknown

SEQ ID N° 2511	Lin2412	6135.1	unknown, highly similar to gp49 [Bacteriophage A118]
SEQ ID N° 2512	Lin2413	3387.3	unknown, highly similar to putative recombinase [Bacteriophage A118]
SEQ ID N° 2513	Lin2414	5720.2	gp47 [Bacteriophage A118]
SEQ ID N° 2514	Lin2415	6697.1	Unknown
SEQ ID N° 2515	Lin2418	5715.1	Unknown, similar to anti-repressor
SEQ ID N° 2516	Lin2419	6620.2	Unknown
SEQ ID N° 2517	Lin2420	5710.1	Unknown, similar to Bacteriophage A118 protein gp40
SEQ ID N° 2518	Lin2421	5709.1	Unknown
SEQ ID N° 2519	Lin2422	5708.1	Unknown, similar to Bacteriophage A118 putative repressor protein
SEQ ID N° 2520	Lin2423	5706.1	Unknown, similar to Bacteriophage A118 protein gp34
SEQ ID N° 2521	Lin2425	5704.1	unknown
SEQ ID N° 2522	Lin2454	5645.1	Unknown, similar to 6-phospho-beta-glucosidase
SEQ ID N° 2523	Lin2455	5644.1	Unknown, similar to transcription antiterminator BglG family
SEQ ID N° 2524	Lin2456	5643.1	Unknown, similar to unknown proteins
SEQ ID N° 2525	Lin2457	5642.1	Unknown, similar to PTS system, cellobiose-specific enzyme IIA component
SEQ ID N° 2526	Lin2458	5640.1	Unknown, similar to PTS system, cellobiose-specific enzyme IIB component
SEQ ID N° 2527	Lin2459	5638.1	Unknown, similar to PTS system, cellobiose-specific enzyme IIC component
SEQ ID N° 2528	Lin2487	5052.1	Unknown, similar to unknown proteins
SEQ ID N° 2529	Lin2494	5039.1	unknown, hypothetical protein
SEQ ID N° 2530	Lin2537	4955.1	Unknown, similar to internalin proteins
SEQ ID N° 2531	Lin2561	6688.1	Unknown, similar to unknown protein
SEQ ID N° 2532	Lin2562	4067.2	Unknown, similar to unknown protein
SEQ ID N° 2533	Lin2563	6704.1	Unknown, similar to N-acetyl-muramoyl-L-alanine amidase (N-terminal part) and to L-alanoyl-D-glutamate peptidase (C-terminal part)
SEQ ID N° 2534	Lin2564	4061.3	Unknown
SEQ ID N° 2535	Lin2565	4060.1	Unknown, similar to protein gp20 [Bacteriophage A118]
SEQ ID N° 2536	Lin2566	4057.1	Unknown, similar to endopeptidase [bacteriophage bIL285]
SEQ ID N° 2537	Lin2567	4054.1	Unknown, similar to Orf53 [bacteriophage bIL285]
SEQ ID N° 2538	Lin2568	4052.1	Unknown, similar to tail protein [bacteriophage bIL285]
SEQ ID N° 2539	Lin2569	6564.1	Unknown, similar to Lactococcus lactis prophage pi2 protein 41
SEQ ID N° 2540	Lin2570	4047.1	Unknown, similar to Orf51 [bacteriophage bIL285]
SEQ ID N° 2541	Lin2571	4046.1	Unknown, similar to Orf50 [bacteriophage bIL285]
SEQ ID N° 2542	Lin2572	4044.1	Unknown, similar to Orf49 [bacteriophage bIL285]

SEQ ID N° 2543	Lin2573	4042.1	Unknown, similar to Orf48 [bacteriophage bIL285]
SEQ ID N° 2544	Lin2574	4041.1	Unknown, similar to Orf47 [bacteriophage bIL285]
SEQ ID N° 2545	Lin2575	4040.1	Unknown, similar to Orf46 [bacteriophage bIL285]
SEQ ID N° 2546	Lin2576	4039.1	Unknown, similar to capsid protein [bacteriophage bIL285]
SEQ ID N° 2547	Lin2577	4037.1	Unknown, similar to protease [bacteriophage bIL285]
SEQ ID N° 2548	Lin2578	4036.1	Unknown, similar to portal protein [bacteriophage bIL285]
SEQ ID N° 2549	Lin2579	4033.1	Unknown, similar to terminase [bacteriophage bIL285]
SEQ ID N° 2550	Lin2580	4030.1	Unknown, similar to bacteriophage protein
SEQ ID N° 2551	Lin2581	4028.1	Unknown, similar to bacteriophage protein
SEQ ID N° 2552	Lin2582	4026.1	Unknown
SEQ ID N° 2553	Lin2583	4023.1	Unknown
SEQ ID N° 2554	Lin2584	4022.1	Unknown
SEQ ID N° 2555	Lin2585	4021.1	Unknown
SEQ ID N° 2556	Lin2586	4020.1	Unknown, similar to bacteriophage protein
SEQ ID N° 2557	Lin2587	4019.1	Unknown, similar to bacteriophage protein
SEQ ID N° 2558	Lin2588	4016.1	Unknown, similar to bacteriophage protein
SEQ ID N° 2559	Lin2589	4015.1	Unknown, similar to DEAH-family helicase
SEQ ID N° 2560	Lin2590	4013.1	Unknown, similar to bacteriophage protein
SEQ ID N° 2561	Lin2591	4012.1	Unknown, similar to bacteriophage protein
SEQ ID N° 2562	Lin2592	6696.1	Unknown
SEQ ID N° 2563	Lin2593	4008.1	Hypothetical gene
SEQ ID N° 2564	Lin2594	4006.1	Unknown
SEQ ID N° 2565	Lin2595	4005.1	Unknown
SEQ ID N° 2566	Lin2596	4003.1	Unknown
SEQ ID N° 2567	Lin2597	4001.1	Unknown
SEQ ID N° 2568	Lin2598	6559.1	Unknown
SEQ ID N° 2569	Lin2599	3998.1	Unknown
SEQ ID N° 2570	Lin2600	3996.2	unknown
SEQ ID N° 2571	Lin2601	6130.2	Unknown, similar to bacteriophage integrase
SEQ ID N° 2572	Lin2602	3994.2	Unknown, similar to phage protein
SEQ ID N° 2573	Lin2603	3993.1	unknown
SEQ ID N° 2574	Lin2604	3990.1	unknown
SEQ ID N° 2575	Lin2605	6557.1	Unknown

SEQ ID N° 2576	Lin2606	6556.1	Unknown
SEQ ID N° 2577	Lin2607	3989.1	Unknown, similar to a putative repressor protein [Bacteriophage A118]
SEQ ID N° 2578	Lin2608	3988.1	Unknown, similar to protein gp35 from Bacteriophage A118
SEQ ID N° 2579	Lin2609	3987.1	Unknown
SEQ ID N° 2580	Lin2610	3985.1	unknown, similar to integrases
SEQ ID N° 2581	Lin2656	3889.1	unknown, similar to late competence protein comFC
SEQ ID N° 2582	Lin2693	3815.1	Unknown
SEQ ID N° 2583	Lin2703	5735.1	autolysin, amidase
SEQ ID N° 2584	Lin2723	5767.1	Unknown, conserved hypothetical protein
SEQ ID N° 2585	Lin2724	5773.1	unknown, internalin-like protein (LPXTG motif)
SEQ ID N° 2586	Lin2735	6183.3	Unknown
SEQ ID N° 2587	Lin2736	6181.1	Unknown
SEQ ID N° 2588	Lin2741	1716.1	unknown
SEQ ID N° 2589	Lin2742	1717.1	Unknown
SEQ ID N° 2590	Lin2743	1718.1	unknown
SEQ ID N° 2591	Lin2744	1720.1	unknown, similar to hypothetical proteins
SEQ ID N° 2592	Lin2824	6550.1	Unknown, similar to hydrolase (esterase) (truncated, C-terminal end)
SEQ ID N° 2593	Lin2825	1892.1	Unknown, similar to hydrolase (esterase) (truncated, N-terminal end)
SEQ ID N° 2594	Lin2839	1935.1	unknown
SEQ ID N° 2595	Lin2918	2102.1	unknown
SEQ ID N° 2596	Lin2921	6547.1	Unknown, similar to unknown protein
SEQ ID N° 2597	Lin2940	2142.1	unknown, similar to abortive phage resistance mechanism [Lactococcus lactis]
SEQ ID N° 2598	Lin2941	2143.1	unknown
SEQ ID N° 2599	Lin2945	2151.1	unknown
SEQ ID N° 2600	Lin2958	2180.1	Unknown, similar to efflux proteins (truncated, N-terminal end)
SEQ ID N° 2601	Lin2959	2182.1	Unknown, similar to efflux proteins (truncated, N-terminal end)

TABLEAU VII : Légendes

- SEQ ID Nos. 2602 - 2871 : séquences nucléotidiques des 270 gènes spécifiques de *Listeria monocytogenes* EGDe ; avec en première colonne l'identifiant SEQ ID, en seconde colonne le nom du gène, en troisième colonne le numéro d'IPF (N°
- 5 identifiant « Institut Pasteur » permettant de corréler la séquence avec les séquences du tableau V) et en dernière colonne l'annotation correspondante.

TABLEAU VII

SEQ ID	Nom	IPF ID	Fonction
SEQ ID N° 2602	lmo0017	587.1	Unknown, similar to Bacillus anthracis CapA protein (polyglutamate capsule biosynthesis)
SEQ ID N° 2603	lmo0036	611.1	Unknown, similar to ornithine carbamoyltransferase
SEQ ID N° 2604	lmo0037	613.1	Unknown, similar to amino acid transporter
SEQ ID N° 2605	lmo0038	614.1	Unknown, conserved hypothetical protein
SEQ ID N° 2606	lmo0039	615.1	Unknown, similar to carbamate kinase
SEQ ID N° 2607	lmo0040	616.1	Unknown, conserved hypothetical protein
SEQ ID N° 2608	lmo0041	617.1	Unknown, conserved hypothetical protein, hypothetical regulator
SEQ ID N° 2609	lmo0066	2161.2	Unknown, similar to toxin components
SEQ ID N° 2610	lmo0067	395.2	Unknown, similar to dinitrogenase reductase ADP-ribosylation system
SEQ ID N° 2611	lmo0069	392.3	unknown
SEQ ID N° 2612	lmo0070	390.3	unknown
SEQ ID N° 2613	lmo0071	389.1	unknown
SEQ ID N° 2614	lmo0072	4251.1	Unknown, Hypothetical
SEQ ID N° 2615	lmo0073	388.1	unknown
SEQ ID N° 2616	lmo0074	387.1	Unknown
SEQ ID N° 2617	lmo0079	380.1	Unknown
SEQ ID N° 2618	lmo0080	379.1	Unknown
SEQ ID N° 2619	lmo0081	378.1	Unknown
SEQ ID N° 2620	lmo0082	377.1	Unknown
SEQ ID N° 2621	lmo0083	376.1	Unknown, similar to transcription regulator (merR family)
SEQ ID N° 2622	lmo0084	375.1	Unknown, similar to oxidoreductases
SEQ ID N° 2623	lmo0106	345.1	Unknown, similar to transcription regulator
SEQ ID N° 2624	lmo0110	338.1	Unknown, similar to lipase
SEQ ID N° 2625	lmo0140	2401.1	Unknown
SEQ ID N° 2626	lmo0141	3995.1	unknown
SEQ ID N° 2627	lmo0142	2400.1	unknown
SEQ ID N° 2628	lmo0143	2398.1	unknown
SEQ ID N° 2629	lmo0144	2397.1	Unknown
SEQ ID N° 2630	lmo0145	4247.1	Unknown, hypothetical protein
SEQ ID N° 2631	lmo0146	4246.1	Unknown, hypothetical protein

SEQ ID N° 2632	lmo0147	2395.1	Unknwon
SEQ ID N° 2633	lmo0148	2394.1	unknown
SEQ ID N° 2634	lmo0149	2393.1	
SEQ ID N° 2635	lmo0150	2392.1	unknown
SEQ ID N° 2636	lmo0151	2391.1	Unknwon
SEQ ID N° 2637	lmo0171	973.1	Unknwon, similar to internalin proteins, putative peptidoglycan bound protein (LPXTG motif)
SEQ ID N° 2638	lmo0172	970.1	Unknown, similar to transposase C-terminal part
SEQ ID N° 2639	lmo0173	969.1	Unknown, similar to transposase (N-terminal part)
SEQ ID N° 2640	lmo0174	968.1	Unknown, similar to transposase
SEQ ID N° 2641	prfA	1447.1	listeriolysin positive regulatory protein
SEQ ID N° 2642	plcA	1446.1	phosphatidylinositol-specific phospholipase c
SEQ ID N° 2643	hly	1445.1	listeriolysin O precursor
SEQ ID N° 2644	mpl	1444.1	Zinc metalloproteinase precursor
SEQ ID N° 2645	actA	1442.1	actin-assembly inducing protein precursor
SEQ ID N° 2646	plcB	1439.1	phospholipase C
SEQ ID N° 2647	lmo0206	1438.1	Unknwon
SEQ ID N° 2648	lmo0252	3976.4	Unknown, similar to repressor (penicillinase repressor)
SEQ ID N° 2649	lmo0253	4262.2	Unknown, similar to penicillinase antirepressor
SEQ ID N° 2650	lmo0254	1859.2	Unknown
SEQ ID N° 2651	lmo0255	1858.1	Unknown, similar to unknown protein
SEQ ID N° 2652	lmo0257	1856.2	Unknown, similar to unknown protein
SEQ ID N° 2653	inlG	1842.1	internalin G
SEQ ID N° 2654	inlH	1840.1	internalin H
SEQ ID N° 2655	inlE	1838.1	internalin E
SEQ ID N° 2656	lmo0304	2474.1	Unknown
SEQ ID N° 2657	lmo0310	3811.3	Unknown
SEQ ID N° 2658	lmo0311	2336.3	Unknown
SEQ ID N° 2659	lmo0312	2335.2	Unknown, similar to unknown proteins
SEQ ID N° 2660	lmo0313	2334.1	Unknown, conserved hypothetical protein
SEQ ID N° 2661	lmo0320	2323.1	Unknown, similar to surface protein (peptidoglycan bound, LPXTG motif)
SEQ ID N° 2662	lmo0329	3934.1	Unknown, similar to transposase
SEQ ID N° 2663	lmo0330	3750.2	Unknown, similar to transposase
SEQ ID N° 2664	lmo0332	3754.2	Unknown

SEQ ID N° 2665	lmo0333	2137.2	Unknown, similar to internalin proteins, putative peptidoglycan bound protein (LPXTG motif)
SEQ ID N° 2666	lmo0334	2138.1	unknown
SEQ ID N° 2667	lmo0337	2141.1	Unknown
SEQ ID N° 2668	lmo0338	2142.1	Unknown
SEQ ID N° 2669	lmo0340	4097.1	Unknown
SEQ ID N° 2670	lmo0378	2050.1	Unknown
SEQ ID N° 2671	lmo0379	2049.3	Unknown
SEQ ID N° 2672	lmo0380	1115.3	Unknown
SEQ ID N° 2673	lmo0381	1114.1	Unknown
SEQ ID N° 2674	lmo0409	1074.1	Unknown, similar to internalin, peptidoglycan bound protein (LPxTG motif)
SEQ ID N° 2675	lmo0419	1572.1	Unknown, similar to unknown protein
SEQ ID N° 2676	inIA	1549.1	Internalin A
SEQ ID N° 2677	inIB	1547.1	Internalin B
SEQ ID N° 2678	lmo0438	1538.1	unknown
SEQ ID N° 2679	lmo0440	1625.2	Unknown
SEQ ID N° 2680	lmo0444	1631.1	Unknown, conserved hypothetical protein
SEQ ID N° 2681	lmo0445	1632.1	Unknown, similar to transcription regulator
SEQ ID N° 2682	lmo0446	1634.1	Unknown, similar to penicillin acylase and to conjugated bile acid hydrolase
SEQ ID N° 2683	lmo0447	1635.1	Unknown, similar to glutamate decarboxylase
SEQ ID N° 2684	lmo0448	1636.1	Unknown, similar to amino acid antiporter
SEQ ID N° 2685	lmo0459	1655.1	Unknown, similar to transcription regulator (VirR from Streptococcus pyogenes)
SEQ ID N° 2686	lmo0460	1656.1	Unknown, putative membrane associated lipoprotein
SEQ ID N° 2687	lmo0461	1658.1	Unknown
SEQ ID N° 2688	lmo0462	1659.3	Unknown
SEQ ID N° 2689	lmo0463	1660.3	Unknown
SEQ ID N° 2690	lmo0464	3853.2	Unknown, weakly similar to transposase
SEQ ID N° 2691	lmo0465	3953.1	Hypothetical orf
SEQ ID N° 2692	lmo0466	3905.2	Unknown
SEQ ID N° 2693	lmo0467	3954.2	Unknown
SEQ ID N° 2694	lmo0468	4040.1	Unknown
SEQ ID N° 2695	lmo0469	3337.3	Unknown
SEQ ID N° 2696	lmo0470	3336.3	Unknown, weakly similar to site-specific DNA-methyltransferase
SEQ ID N° 2697	lmo0471	3335.2	Unknown

SEQ ID N° 2698	lmo0472	3334.1	Unknown
SEQ ID N° 2699	lmo0473	3333.1	Unknown
SEQ ID N° 2700	lmo0474	3332.1	Unknown
SEQ ID N° 2701	lmo0475	3331.1	Unknown
SEQ ID N° 2702	lmo0476	3330.2	Unknown, similar to oxetanocin A resistance protein oxrB
SEQ ID N° 2703	lmo0477	3284.1	Unknown, putative secreted protein
SEQ ID N° 2704	lmo0478	3285.1	Unknown, putative secreted protein
SEQ ID N° 2705	lmo0479	3286.1	Unknown, putative secreted protein
SEQ ID N° 2706	lmo0492	1713.1	Unknown, similar to transcriptional regulator (LysR family)
SEQ ID N° 2707	lmo0493	1714.1	Unknown, similar to acylase
SEQ ID N° 2708	lmo0497	1718.2	Unknown, similar to sugar transferase
SEQ ID N° 2709	lmo0525	1037.1	Unknown
SEQ ID N° 2710	lmo0630	1518.1	Unknown, similar to transcription antiterminator BglG family
SEQ ID N° 2711	lmo0631	1519.1	Unknown, similar to PTS system, fructose-specific IIA component
SEQ ID N° 2712	lmo0632	1520.1	Unknown, similar to PTS system, fructose-specific IIC component
SEQ ID N° 2713	lmo0633	1521.1	Unknown, similar to PTS system, fructose-specific IIB component
SEQ ID N° 2714	lmo0634	1523.1	Unknown, similar to an E. coli putative tagatose 6-phosphate kinase
SEQ ID N° 2715	lmo0638	1528.1	Unknown
SEQ ID N° 2716	lmo0726	4124.1	Hypothetical CDS
SEQ ID N° 2717	lmo0733	1176.1	Unknown, similar to transcription regulator
SEQ ID N° 2718	lmo0734	1175.1	Unknown, similar to transcriptional regulator (LacI family)
SEQ ID N° 2719	lmo0735	1174.1	Unknown, similar to Ribulose-5-Phosphate 3-Epimerase
SEQ ID N° 2720	lmo0736	1173.1	Unknown, similar to ribose 5-phosphate isomerase
SEQ ID N° 2721	lmo0737	1172.1	Unknown
SEQ ID N° 2722	lmo0738	1171.1	Unknown, similar to phosphotransferase system (PTS) beta-glucoside-specific enzyme IIABC compone
SEQ ID N° 2723	lmo0739	1169.1	Unknown, similar to 6-phospho-beta-glucosidase
SEQ ID N° 2724	lmo0746	1160.1	Unknown, hypothetical
SEQ ID N° 2725	lmo0747	1159.1	unknown
SEQ ID N° 2726	lmo0748	1158.1	Unknown
SEQ ID N° 2727	lmo0749	4361.1	Unknown
SEQ ID N° 2728	lmo0750	1157.1	Unknown
SEQ ID N° 2729	lmo0751	1156.1	Unknown
SEQ ID N° 2730	lmo0752	1155.1	Unknown, weakly similar to a putative haloacetate dehalogenase

SEQ ID N° 2731	lmo0753	1154.1	unknown, similar to transcription regulator Crp/Fnr family
SEQ ID N° 2732	lmo0754	1153.2	Unknown, weakly similar to a bile acid 7-alpha dehydratase
SEQ ID N° 2733	lmo0780	1123.1	Unknown
SEQ ID N° 2734	lmo0801	3477.1	Unknown, similar to internalin, putative peptidoglycan bound protein (LPXTG motif)
SEQ ID N° 2735	lmo0804	3469.2	Unknown
SEQ ID N° 2736	lmo0805	3929.1	unknown
SEQ ID N° 2737	lmo0826	1261.1	Unknown, similar to transport protein
SEQ ID N° 2738	lmo0827	1259.1	unknown, similar to transposases
SEQ ID N° 2739	lmo0828	1258.1	unknown, similar to transposases
SEQ ID N° 2740	lmo0833	1250.1	Unknown, similar to transcriptional regulator
SEQ ID N° 2741	lmo0834	1249.1	unknown
SEQ ID N° 2742	lmo0835	1248.1	Unknown, putative peptidoglycan bound protein (LPXTG motif)
SEQ ID N° 2743	uhpT	1243.1	unknown, highly similar to hexose phosphate transport protein
SEQ ID N° 2744	lmo0842	1235.1	Unknown, putative peptidoglycan bound protein (LPXTG motif)
SEQ ID N° 2745	lmo0904	1624.2	Unknown
SEQ ID N° 2746	lmo0933	1586.1	unknown, similar to sugar transferase
SEQ ID N° 2747	lmo0940	1580.1	Unknown
SEQ ID N° 2748	lmo1030	3538.3	unknown, similar to transcriptional regulator, LacI family
SEQ ID N° 2749	lmo1031	1398.3	unknown, similar to hypothetical proteins
SEQ ID N° 2750	lmo1032	1396.1	unknown, similar to transketolase
SEQ ID N° 2751	lmo1033	1394.1	unknown, similar to transketolase
SEQ ID N° 2752	lmo1034	1392.1	unknown, similar to glycerol kinase
SEQ ID N° 2753	lmo1035	1391.1	unknown, similar to phosphotransferase system (PTS) beta-glucoside-specific enzyme IIABC
SEQ ID N° 2754	lmo1036	1390.1	unknown
SEQ ID N° 2755	lmo1060	1359.1	unknown, similar to transcription response regulator
SEQ ID N° 2756	lmo1061	1358.1	Unknown, similar to two-component sensor histidine kinase
SEQ ID N° 2757	lmo1062	1357.1	unknown, similar to ABC transporters (permease protein)
SEQ ID N° 2758	lmo1063	1354.1	unknown, similar to ABC transporter (ATP binding protein)
SEQ ID N° 2759	lmo1076	3609.1	unknown, similar to autolysin (EC 3.5.1.28) (N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase)
SEQ ID N° 2760	lmo1077	3612.1	unknown, similar to teichoic acid biosynthesis protein B
SEQ ID N° 2761	lmo1079	3614.3	unknown, similar to B. subtilis YfhO protein
SEQ ID N° 2762	lmo1080	2597.3	unknown, similar to B. subtilis minor teichoic acids biosynthesis protein GgaB
SEQ ID N° 2763	lmo1081	2598.3	Unknown, similar to glucose-1-phosphate thymidyl transferase

SEQ ID N° 2764	lmo1082	2599.1	Unknown, similar to dTDP-sugar epimerase
SEQ ID N° 2765	lmo1083	2600.1	Unknown, similar to dTDP-D-glucose 4,6-dehydratase
SEQ ID N° 2766	lmo1084	2601.1	unknown, similar to DTDLP-L-rhamnose synthetase
SEQ ID N° 2767	lmo1085	2602.1	unknown, similar to teichoic acid biosynthesis protein B
SEQ ID N° 2768	lmo1090	2608.1	unknown, similar to glycosyltransferases
SEQ ID N° 2769	lmo1091	2609.1	unknown, similar to glycosyltransferases
SEQ ID N° 2770	lmo1097	2618.1	unknown, similar to integrases
SEQ ID N° 2771	lmo1098	4147.1	unknown, highly similar to TN916 ORF8
SEQ ID N° 2772	lmo1099	2619.1	unknown, similar to a protein encoded by Tn916
SEQ ID N° 2773	cadA	2621.4	cadmium resistance protein
SEQ ID N° 2774	lmo1101	3973.2	Unknown, similar to lipoprotein signal peptidase
SEQ ID N° 2775	lmo1102	3024.1	unknown, similar to cadmium efflux system accessory proteins
SEQ ID N° 2776	lmo1103	3023.1	unknown, highly similar to TN916 ORF13
SEQ ID N° 2777	lmo1104	3022.1	unknown, highly similar to TN916 ORF14 and to L. monocytogenes P60 protein
SEQ ID N° 2778	lmo1105	3020.1	unknown, highly similar to TN916 ORF15
SEQ ID N° 2779	lmo1106	3018.1	unknown, highly similar to TN916 ORF16
SEQ ID N° 2780	lmo1107	3017.1	unknown, highly similar to TN916 ORF17
SEQ ID N° 2781	lmo1108	3016.1	unknown, highly similar to TN916 ORF18
SEQ ID N° 2782	lmo1109	4148.1	unknown, highly similar to TN916 ORF19
SEQ ID N° 2783	lmo1110	3014.1	unknown, similar to unknown proteins
SEQ ID N° 2784	lmo1111	3013.1	unknown, highly similar to TN916 ORF20
SEQ ID N° 2785	lmo1112	3012.1	unknown, highly similar to TN916 ORF21
SEQ ID N° 2786	lmo1113	3011.1	unknown, highly similar to TN916 ORF22
SEQ ID N° 2787	lmo1114	3010.1	unknown, highly similar to TN916 ORF23
SEQ ID N° 2788	lmo1115	3009.3	unknown, similar to fibrinogen-binding protein (LPXTG motif)
SEQ ID N° 2789	lmo1116	4267.1	unknown, similar to regulatory proteins
SEQ ID N° 2790	lmo1117	4268.1	unknown
SEQ ID N° 2791	lmo1118	4149.2	unknown
SEQ ID N° 2792	lmo1119	247.3	unknown, similar to methylases
SEQ ID N° 2793	lmo1120	246.1	unknown
SEQ ID N° 2794	lmo1121	245.1	unknown
SEQ ID N° 2795	lmo1125	241.2	unknown
SEQ ID N° 2796	lmo1133	232.1	unknown, similar to B. subtilis YjcS protein

SEQ ID N° 2797	lmo1134	231.1	unknown, similar to regulatory proteins
SEQ ID N° 2798	lmo1135	230.1	unknown
SEQ ID N° 2799	lmo1139	223.1	unknown
SEQ ID N° 2800	lmo1188	156.1	unknown
SEQ ID N° 2801	lmo1247	2296.1	unknown
SEQ ID N° 2802	lmo1263	4152.2	unknown, similar to transcriptional regulator
SEQ ID N° 2803	lmo1290	1974.3	Unknown, similar to internalin proteins, putative peptidoglycan bound protein (LPXTG motif)
SEQ ID N° 2804	lmo1307	1997.1	unknown
SEQ ID N° 2805	lmo1413	1778.1	Unknown, putative peptidoglycan bound protein (LPXTG motif)
SEQ ID N° 2806	lmo1441	1814.1	Unknown, similar to putative peptidoglycan acetylation protein
SEQ ID N° 2807	lmo1451	1827.1	Unknown, similar to E. coli LytB protein
SEQ ID N° 2808	lmo1477	2928.1	Unknown, similar to oxidoreductase
SEQ ID N° 2809	lmo1478	2929.1	Unknown, similar to transcriptional regulator (MerR family)
SEQ ID N° 2810	lmo1597	3951.1	Unknown
SEQ ID N° 2811	lmo1648	2130.1	unknown
SEQ ID N° 2812	lmo1656	3728.1	unknown
SEQ ID N° 2813	lmo1659	3681.2	unknown
SEQ ID N° 2814	lmo1666	3418.2	unknown, peptidoglycan linked protein (LPxTG)
SEQ ID N° 2815	lmo1714	3463.2	unknown
SEQ ID N° 2816	inlC	3779.3	internalin C
SEQ ID N° 2817	lmo1968	2521.1	unknown, similar to creatinine amidohydrolases
SEQ ID N° 2818	lmo1969	2522.1	Unknown, similar to 2-keto-3-deoxygluconate-6-phosphate aldolase
SEQ ID N° 2819	lmo1970	2523.1	Unknown, similar to putative phosphotriesterase related proteins
SEQ ID N° 2820	lmo1971	2524.1	Unknown, similar to penitol PTS system enzyme II C component
SEQ ID N° 2821	lmo1972	4065.1	Unknown, similar to penitol PTS system enzyme II B component
SEQ ID N° 2822	lmo1973	2527.1	Unknown, similar to PTS system enzyme II A component
SEQ ID N° 2823	lmo1974	2528.1	Unknown, similar to transcription regulators, (GntR family)
SEQ ID N° 2824	lmo2026	2504.1	Unknown, putative peptidoglycan bound protein (LPXTG motif)
SEQ ID N° 2825	lmo2027	2503.1	Unknown, putative cell surface protein, similar to internalin proteins
SEQ ID N° 2826	lmo2067	3512.1	Unknown, similar to conjugated bile acid hydrolase
SEQ ID N° 2827	lmo2085	3691.2	Unknown, putative peptidoglycan bound protein (LPXTG motif)
SEQ ID N° 2828	lmo2093	4359.1	Unknown
SEQ ID N° 2829	lmo2143	858.1	Unknown, weakly similar to mannose-6-phosphate isomerase

SEQ ID N° 2830	lmo2144	857.1	Unknown, similar to transcription regulator GntR family
SEQ ID N° 2831	sepA	842.1	Unknown
SEQ ID N° 2832	lmo2197	3539.1	Unknown
SEQ ID N° 2833	lmo2228	4342.1	Unknown, similar to unknown protein
SEQ ID N° 2834	lmo2257	2761.1	Unknown, hypothetical CDS
SEQ ID N° 2835	lmo2364	452.1	Hypothetical protein
SEQ ID N° 2836	lmo2387	906.1	Unknown, conserved hypothetical protein
SEQ ID N° 2837	lmo2395	4226.1	Unknown
SEQ ID N° 2838	lmo2407	881.1	unknown
SEQ ID N° 2839	lmo2408	4227.1	Unknown, similar to repressor protein
SEQ ID N° 2840	lmo2409	880.1	Unknown
SEQ ID N° 2841	lmo2410	879.1	Unknown
SEQ ID N° 2842	lmo2420	4358.1	unknown
SEQ ID N° 2843	lmo2443	2215.1	unknown
SEQ ID N° 2844	lmo2470	757.1	Unknown, similar to internalin proteins
SEQ ID N° 2845	lmo2576	3700.2	Unknown, peptidoglycan anchored protein (LPXTG motif)
SEQ ID N° 2846	lmo2594	1759.1	Unknown
SEQ ID N° 2847	lmo2595	1760.1	Unknown, similar to unknown proteins
SEQ ID N° 2848	lmo2671	49.1	Unknown
SEQ ID N° 2849	lmo2672	51.1	Unknown, weakly similar to transcription regulator
SEQ ID N° 2850	lmo2686	80.1	unknown
SEQ ID N° 2851	lmo2732	270.1	unknown
SEQ ID N° 2852	lmo2733	272.1	Unknown, similar to PTS system, fructose-specific IIABC component
SEQ ID N° 2853	lmo2734	273.1	Unknown, weakly similar to sugar hydrolase
SEQ ID N° 2854	lmo2735	274.1	Unknown, similar to Sucrose phosphorylase
SEQ ID N° 2855	lmo2736	275.1	Unknown, conserved hypothetical protein
SEQ ID N° 2856	lmo2771	710.1	Unknown, similar to beta-glucosidase
SEQ ID N° 2857	lmo2772	711.2	Unknown, similar to beta-glucoside-specific enzyme IIABC
SEQ ID N° 2858	lmo2773	712.2	Unknown, similar to transcription antiterminator
SEQ ID N° 2859	lmo2776	716.1	Unknown
SEQ ID N° 2860	lmo2780	721.1	Unknown, similar to cellobiose PTS enzyme IIA
SEQ ID N° 2861	lmo2781	723.1	Unknown, similar to beta-glucosidase
SEQ ID N° 2862	lmo2782	724.1	Unknown, similar to PTS, cellobiose-specific IIB component

SEQ ID N° 2863	lmo2783	725.1	Unknown, similar to cellobiose phosphotransferase system enzyme IIC
SEQ ID N° 2864	lmo2784	726.1	Unknown, similar to lichenan operon transcription antiterminator licR
SEQ ID N° 2865	bvrC	728.1	Unknown
SEQ ID N° 2866	bvrB	730.1	beta-glucoside-specific phosphotransferase enzyme II ABC component
SEQ ID N° 2867	bvrA	731.2	transcription antiterminator
SEQ ID N° 2868	lmo2807	3431.2	Unknown, hypothetical secreted protein
SEQ ID N° 2869	lmo2809	1067.2	Unknown, hypothetical secreted protein
SEQ ID N° 2870	lmo2821	1050.1	Unknown, similar to internalin, Unknown, putative peptidoglycan bound protein (LPXTG motif)
SEQ ID N° 2871	lmo2841	1206.1	unknown, weakly similar to sucrose phosphorylase

TABLEAU VIII : Légendes

SEQ ID Nos. 2872 - 3891 : séquences de 1020 Contigs issus de l'assemblage de 13919 séquences de *Listeria monocytogenes* 4b.

Dans ces séquences, les bases indéterminées sont marquées par un "N". Certains de ces

- 5 contigs contiennent les 974 anciens contigs de Lm4b SEQ ID Nos. 1068 à 2041 ; avec en première colonne l'identifiant SEQ ID, en seconde colonne le numéro de contig et le ou les numéros des séquences SEQ ID Nos. 1068 à 2041 correspondantes du tableau V.

TABLEAU VIII

10

SEQ ID N° 2872	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig1
SEQ ID N° 2873	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig2
SEQ ID N° 2874	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig3
SEQ ID N° 2875	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig4
SEQ ID N° 2876	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig5
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1069
SEQ ID N° 2877	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig6
SEQ ID N° 2878	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig7
SEQ ID N° 2879	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig8
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1076
SEQ ID N° 2880	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig9
SEQ ID N° 2881	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig10
SEQ ID N° 2882	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig11
SEQ ID N° 2883	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig12
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1075
SEQ ID N° 2884	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig13
SEQ ID N° 2885	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig14
SEQ ID N° 2886	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig15
SEQ ID N° 2887	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig16
SEQ ID N° 2888	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig17
SEQ ID N° 2889	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig18
SEQ ID N° 2890	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig19
SEQ ID N° 2891	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig20
SEQ ID N° 2892	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig21
SEQ ID N° 2893	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig22
SEQ ID N° 2894	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig23
SEQ ID N° 2895	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig24
SEQ ID N° 2896	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig25
SEQ ID N° 2897	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig26
SEQ ID N° 2898	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig27
SEQ ID N° 2899	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig28
SEQ ID N° 2900	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig29
SEQ ID N° 2901	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig30
SEQ ID N° 2902	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig31
SEQ ID N° 2903	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig32
SEQ ID N° 2904	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig33
SEQ ID N° 2905	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig34

SEQ ID N° 2906	Listeria monocytogenes 4b Contig35
SEQ ID N° 2907	Listeria monocytogenes 4b Contig36
SEQ ID N° 2908	Listeria monocytogenes 4b Contig37
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1363
SEQ ID N° 2909	Listeria monocytogenes 4b Contig38
SEQ ID N° 2910	Listeria monocytogenes 4b Contig39
SEQ ID N° 2911	Listeria monocytogenes 4b Contig40
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1126
SEQ ID N° 2912	Listeria monocytogenes 4b Contig41
SEQ ID N° 2913	Listeria monocytogenes 4b Contig42
SEQ ID N° 2914	Listeria monocytogenes 4b Contig43
SEQ ID N° 2915	Listeria monocytogenes 4b Contig44
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1096
SEQ ID N° 2916	Listeria monocytogenes 4b Contig45
SEQ ID N° 2917	Listeria monocytogenes 4b Contig46
SEQ ID N° 2918	Listeria monocytogenes 4b Contig47
SEQ ID N° 2919	Listeria monocytogenes 4b Contig48
SEQ ID N° 2920	Listeria monocytogenes 4b Contig49
SEQ ID N° 2921	Listeria monocytogenes 4b Contig50
SEQ ID N° 2922	Listeria monocytogenes 4b Contig51
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1145
SEQ ID N° 2923	Listeria monocytogenes 4b Contig52
SEQ ID N° 2924	Listeria monocytogenes 4b Contig53
SEQ ID N° 2925	Listeria monocytogenes 4b Contig54
SEQ ID N° 2926	Listeria monocytogenes 4b Contig55
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1209
SEQ ID N° 2927	Listeria monocytogenes 4b Contig56
SEQ ID N° 2928	Listeria monocytogenes 4b Contig57
SEQ ID N° 2929	Listeria monocytogenes 4b Contig58
SEQ ID N° 2930	Listeria monocytogenes 4b Contig59
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1379
SEQ ID N° 2931	Listeria monocytogenes 4b Contig60
SEQ ID N° 2932	Listeria monocytogenes 4b Contig61
SEQ ID N° 2933	Listeria monocytogenes 4b Contig62
SEQ ID N° 2934	Listeria monocytogenes 4b Contig63
SEQ ID N° 2935	Listeria monocytogenes 4b Contig64
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1082
SEQ ID N° 2936	Listeria monocytogenes 4b Contig65
SEQ ID N° 2937	Listeria monocytogenes 4b Contig66
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1345
SEQ ID N° 2938	Listeria monocytogenes 4b Contig67
SEQ ID N° 2939	Listeria monocytogenes 4b Contig68
SEQ ID N° 2940	Listeria monocytogenes 4b Contig69
SEQ ID N° 2941	Listeria monocytogenes 4b Contig70
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1332
SEQ ID N° 2942	Listeria monocytogenes 4b Contig71
SEQ ID N° 2943	Listeria monocytogenes 4b Contig72
SEQ ID N° 2944	Listeria monocytogenes 4b Contig73
SEQ ID N° 2945	Listeria monocytogenes 4b Contig74
SEQ ID N° 2946	Listeria monocytogenes 4b Contig75

SEQ ID N° 2947	Listeria monocytogenes 4b Contig76
SEQ ID N° 2948	Listeria monocytogenes 4b Contig77
SEQ ID N° 2949	Listeria monocytogenes 4b Contig78
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1194
SEQ ID N° 2950	Listeria monocytogenes 4b Contig79
SEQ ID N° 2951	Listeria monocytogenes 4b Contig80
SEQ ID N° 2952	Listeria monocytogenes 4b Contig81
SEQ ID N° 2953	Listeria monocytogenes 4b Contig82
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1161
SEQ ID N° 2954	Listeria monocytogenes 4b Contig83
SEQ ID N° 2955	Listeria monocytogenes 4b Contig84
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1179
SEQ ID N° 2956	Listeria monocytogenes 4b Contig85
SEQ ID N° 2957	Listeria monocytogenes 4b Contig86
SEQ ID N° 2958	Listeria monocytogenes 4b Contig87
SEQ ID N° 2959	Listeria monocytogenes 4b Contig88
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1100
SEQ ID N° 2960	Listeria monocytogenes 4b Contig89
SEQ ID N° 2961	Listeria monocytogenes 4b Contig90
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1294
SEQ ID N° 2962	Listeria monocytogenes 4b Contig91
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1136
SEQ ID N° 2963	Listeria monocytogenes 4b Contig92
SEQ ID N° 2964	Listeria monocytogenes 4b Contig93
SEQ ID N° 2965	Listeria monocytogenes 4b Contig94
SEQ ID N° 2966	Listeria monocytogenes 4b Contig95
SEQ ID N° 2967	Listeria monocytogenes 4b Contig96
SEQ ID N° 2968	Listeria monocytogenes 4b Contig97
SEQ ID N° 2969	Listeria monocytogenes 4b Contig98
SEQ ID N° 2970	Listeria monocytogenes 4b Contig99
SEQ ID N° 2971	Listeria monocytogenes 4b Contig100
SEQ ID N° 2972	Listeria monocytogenes 4b Contig101
SEQ ID N° 2973	Listeria monocytogenes 4b Contig102
SEQ ID N° 2974	Listeria monocytogenes 4b Contig103
SEQ ID N° 2975	Listeria monocytogenes 4b Contig104
SEQ ID N° 2976	Listeria monocytogenes 4b Contig105
SEQ ID N° 2977	Listeria monocytogenes 4b Contig106
SEQ ID N° 2978	Listeria monocytogenes 4b Contig107
SEQ ID N° 2979	Listeria monocytogenes 4b Contig108
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1256
SEQ ID N° 2980	Listeria monocytogenes 4b Contig109
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1210
SEQ ID N° 2981	Listeria monocytogenes 4b Contig110
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1220
SEQ ID N° 2982	Listeria monocytogenes 4b Contig111
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1406
SEQ ID N° 2983	Listeria monocytogenes 4b Contig112
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1355
SEQ ID N° 2984	Listeria monocytogenes 4b Contig113
SEQ ID N° 2985	Listeria monocytogenes 4b Contig114

SEQ ID N° 2986	Listeria monocytogenes 4b Contig115
SEQ ID N° 2987	Corresponding to the former SEQ ID n° 1183
SEQ ID N° 2988	Listeria monocytogenes 4b Contig116
SEQ ID N° 2989	Listeria monocytogenes 4b Contig117
SEQ ID N° 2990	Corresponding to the former SEQ ID n° 1235
SEQ ID N° 2991	Listeria monocytogenes 4b Contig118
SEQ ID N° 2992	Listeria monocytogenes 4b Contig119
SEQ ID N° 2993	Listeria monocytogenes 4b Contig120
SEQ ID N° 2994	Listeria monocytogenes 4b Contig121
SEQ ID N° 2995	Listeria monocytogenes 4b Contig122
SEQ ID N° 2996	Listeria monocytogenes 4b Contig123
SEQ ID N° 2997	Listeria monocytogenes 4b Contig124
SEQ ID N° 2998	Corresponding to the former SEQ ID n° 1138
SEQ ID N° 2999	Listeria monocytogenes 4b Contig125
SEQ ID N° 3000	Listeria monocytogenes 4b Contig126
SEQ ID N° 3001	Listeria monocytogenes 4b Contig127
SEQ ID N° 3002	Listeria monocytogenes 4b Contig128
SEQ ID N° 3003	Listeria monocytogenes 4b Contig129
SEQ ID N° 3004	Corresponding to the former SEQ ID n° 1092
SEQ ID N° 3005	Listeria monocytogenes 4b Contig130
SEQ ID N° 3006	Corresponding to the former SEQ ID n° 1085
SEQ ID N° 3007	Listeria monocytogenes 4b Contig131
SEQ ID N° 3008	Corresponding to the former SEQ ID n° 1290
SEQ ID N° 3009	Listeria monocytogenes 4b Contig132
SEQ ID N° 3010	Listeria monocytogenes 4b Contig133
SEQ ID N° 3011	Listeria monocytogenes 4b Contig134
SEQ ID N° 3012	Corresponding to the former SEQ ID n° 1108
SEQ ID N° 3013	Listeria monocytogenes 4b Contig135
SEQ ID N° 3014	Corresponding to the former SEQ ID n° 1417
SEQ ID N° 3015	Listeria monocytogenes 4b Contig136
SEQ ID N° 3016	Listeria monocytogenes 4b Contig137
SEQ ID N° 3017	Listeria monocytogenes 4b Contig138
SEQ ID N° 3018	Listeria monocytogenes 4b Contig139
SEQ ID N° 3019	Listeria monocytogenes 4b Contig140
SEQ ID N° 3020	Corresponding to the former SEQ ID n° 1098
SEQ ID N° 3021	Listeria monocytogenes 4b Contig141
SEQ ID N° 3022	Listeria monocytogenes 4b Contig142
SEQ ID N° 3023	Listeria monocytogenes 4b Contig143
SEQ ID N° 3024	Listeria monocytogenes 4b Contig144
	Listeria monocytogenes 4b Contig145
	Listeria monocytogenes 4b Contig146
	Listeria monocytogenes 4b Contig147
	Listeria monocytogenes 4b Contig148
	Listeria monocytogenes 4b Contig149
	Listeria monocytogenes 4b Contig150
	Listeria monocytogenes 4b Contig151
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1584
	Listeria monocytogenes 4b Contig152
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1455
	Listeria monocytogenes 4b Contig153

SEQ ID N° 3025	Listeria monocytogenes 4b Contig154
SEQ ID N° 3026	Listeria monocytogenes 4b Contig155
SEQ ID N° 3027	Listeria monocytogenes 4b Contig156
SEQ ID N° 3028	Listeria monocytogenes 4b Contig157
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1107
SEQ ID N° 3029	Listeria monocytogenes 4b Contig158
SEQ ID N° 3030	Listeria monocytogenes 4b Contig159
SEQ ID N° 3031	Listeria monocytogenes 4b Contig160
SEQ ID N° 3032	Listeria monocytogenes 4b Contig161
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1485
SEQ ID N° 3033	Listeria monocytogenes 4b Contig162
SEQ ID N° 3034	Listeria monocytogenes 4b Contig163
SEQ ID N° 3035	Listeria monocytogenes 4b Contig164
SEQ ID N° 3036	Listeria monocytogenes 4b Contig165
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1538
SEQ ID N° 3037	Listeria monocytogenes 4b Contig166
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1409
SEQ ID N° 3038	Listeria monocytogenes 4b Contig167
SEQ ID N° 3039	Listeria monocytogenes 4b Contig168
SEQ ID N° 3040	Listeria monocytogenes 4b Contig169
SEQ ID N° 3041	Listeria monocytogenes 4b Contig170
SEQ ID N° 3042	Listeria monocytogenes 4b Contig171
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1246
SEQ ID N° 3043	Listeria monocytogenes 4b Contig172
SEQ ID N° 3044	Listeria monocytogenes 4b Contig173
SEQ ID N° 3045	Listeria monocytogenes 4b Contig174
SEQ ID N° 3046	Listeria monocytogenes 4b Contig175
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1445
SEQ ID N° 3047	Listeria monocytogenes 4b Contig176
SEQ ID N° 3048	Listeria monocytogenes 4b Contig177
SEQ ID N° 3049	Listeria monocytogenes 4b Contig178
SEQ ID N° 3050	Listeria monocytogenes 4b Contig179
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1326
SEQ ID N° 3051	Listeria monocytogenes 4b Contig180
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1590
SEQ ID N° 3052	Listeria monocytogenes 4b Contig181
SEQ ID N° 3053	Listeria monocytogenes 4b Contig182
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1152
SEQ ID N° 3054	Listeria monocytogenes 4b Contig183
SEQ ID N° 3055	Listeria monocytogenes 4b Contig184
SEQ ID N° 3056	Listeria monocytogenes 4b Contig185
SEQ ID N° 3057	Listeria monocytogenes 4b Contig186
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1550
SEQ ID N° 3058	Listeria monocytogenes 4b Contig187
SEQ ID N° 3059	Listeria monocytogenes 4b Contig188
SEQ ID N° 3060	Listeria monocytogenes 4b Contig189
SEQ ID N° 3061	Listeria monocytogenes 4b Contig190
SEQ ID N° 3062	Listeria monocytogenes 4b Contig191
SEQ ID N° 3063	Listeria monocytogenes 4b Contig192
SEQ ID N° 3064	Listeria monocytogenes 4b Contig193

SEQ ID N° 3065	Listeria monocytogenes 4b Contig194
SEQ ID N° 3066	Corresponding to the former SEQ ID n° 1535
SEQ ID N° 3067	Listeria monocytogenes 4b Contig195
SEQ ID N° 3068	Listeria monocytogenes 4b Contig196
SEQ ID N° 3069	Corresponding to the former SEQ ID n° 1630
SEQ ID N° 3070	Listeria monocytogenes 4b Contig197
SEQ ID N° 3071	Listeria monocytogenes 4b Contig198
SEQ ID N° 3072	Listeria monocytogenes 4b Contig199
SEQ ID N° 3073	Listeria monocytogenes 4b Contig200
SEQ ID N° 3074	Listeria monocytogenes 4b Contig201
SEQ ID N° 3075	Listeria monocytogenes 4b Contig202
SEQ ID N° 3076	Corresponding to the former SEQ ID n° 1436
SEQ ID N° 3077	Listeria monocytogenes 4b Contig203
SEQ ID N° 3078	Listeria monocytogenes 4b Contig204
SEQ ID N° 3079	Listeria monocytogenes 4b Contig205
SEQ ID N° 3080	Corresponding to the former SEQ ID n° 1267
SEQ ID N° 3081	Listeria monocytogenes 4b Contig206
SEQ ID N° 3082	Corresponding to the former SEQ ID n° 1461
SEQ ID N° 3083	Listeria monocytogenes 4b Contig207
SEQ ID N° 3084	Listeria monocytogenes 4b Contig208
SEQ ID N° 3085	Corresponding to the former SEQ ID n° 1168
SEQ ID N° 3086	Listeria monocytogenes 4b Contig209
SEQ ID N° 3087	Listeria monocytogenes 4b Contig210
SEQ ID N° 3088	Listeria monocytogenes 4b Contig211
SEQ ID N° 3089	Corresponding to the former SEQ ID n° 1159
SEQ ID N° 3090	Listeria monocytogenes 4b Contig212
SEQ ID N° 3091	Listeria monocytogenes 4b Contig213
SEQ ID N° 3092	Listeria monocytogenes 4b Contig214
SEQ ID N° 3093	Listeria monocytogenes 4b Contig215
SEQ ID N° 3094	Listeria monocytogenes 4b Contig216
SEQ ID N° 3095	Listeria monocytogenes 4b Contig217
SEQ ID N° 3096	Listeria monocytogenes 4b Contig218
SEQ ID N° 3097	Corresponding to the former SEQ ID n° 1206
SEQ ID N° 3098	Listeria monocytogenes 4b Contig219
SEQ ID N° 3099	Corresponding to the former SEQ ID n° 1618
SEQ ID N° 3100	Listeria monocytogenes 4b Contig220
SEQ ID N° 3101	Corresponding to the former SEQ ID n° 1540
SEQ ID N° 3102	Listeria monocytogenes 4b Contig221
SEQ ID N° 3103	Corresponding to the former SEQ ID n° 1568
SEQ ID N° 3104	Listeria monocytogenes 4b Contig222
SEQ ID N° 3105	Corresponding to the former SEQ ID n° 1084
SEQ ID N° 3106	Listeria monocytogenes 4b Contig223
SEQ ID N° 3107	Listeria monocytogenes 4b Contig224
SEQ ID N° 3108	Listeria monocytogenes 4b Contig225
SEQ ID N° 3109	Listeria monocytogenes 4b Contig226
SEQ ID N° 3110	Corresponding to the former SEQ ID n° 1464
SEQ ID N° 3111	Listeria monocytogenes 4b Contig227
SEQ ID N° 3112	Listeria monocytogenes 4b Contig228
SEQ ID N° 3113	Listeria monocytogenes 4b Contig229
SEQ ID N° 3114	Listeria monocytogenes 4b Contig230

SEQ ID N° 3102	Listeria monocytogenes 4b Contig231
SEQ ID N° 3103	Listeria monocytogenes 4b Contig232
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1401
SEQ ID N° 3104	Listeria monocytogenes 4b Contig233
SEQ ID N° 3105	Listeria monocytogenes 4b Contig234
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1337
SEQ ID N° 3106	Listeria monocytogenes 4b Contig235
SEQ ID N° 3107	Listeria monocytogenes 4b Contig236
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1471
SEQ ID N° 3108	Listeria monocytogenes 4b Contig237
SEQ ID N° 3109	Listeria monocytogenes 4b Contig238
SEQ ID N° 3110	Listeria monocytogenes 4b Contig239
SEQ ID N° 3111	Listeria monocytogenes 4b Contig240
SEQ ID N° 3112	Listeria monocytogenes 4b Contig241
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1621
SEQ ID N° 3113	Listeria monocytogenes 4b Contig242
SEQ ID N° 3114	Listeria monocytogenes 4b Contig243
SEQ ID N° 3115	Listeria monocytogenes 4b Contig244
SEQ ID N° 3116	Listeria monocytogenes 4b Contig245
SEQ ID N° 3117	Listeria monocytogenes 4b Contig246
SEQ ID N° 3118	Listeria monocytogenes 4b Contig247
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1661
SEQ ID N° 3119	Listeria monocytogenes 4b Contig248
SEQ ID N° 3120	Listeria monocytogenes 4b Contig249
SEQ ID N° 3121	Listeria monocytogenes 4b Contig250
SEQ ID N° 3122	Listeria monocytogenes 4b Contig251
SEQ ID N° 3123	Listeria monocytogenes 4b Contig252
SEQ ID N° 3124	Listeria monocytogenes 4b Contig253
SEQ ID N° 3125	Listeria monocytogenes 4b Contig254
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1428
SEQ ID N° 3126	Listeria monocytogenes 4b Contig255
SEQ ID N° 3127	Listeria monocytogenes 4b Contig256
SEQ ID N° 3128	Listeria monocytogenes 4b Contig257
SEQ ID N° 3129	Listeria monocytogenes 4b Contig258
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1147
SEQ ID N° 3130	Listeria monocytogenes 4b Contig259
SEQ ID N° 3131	Listeria monocytogenes 4b Contig260
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1260
SEQ ID N° 3132	Listeria monocytogenes 4b Contig261
SEQ ID N° 3133	Listeria monocytogenes 4b Contig262
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1465
SEQ ID N° 3134	Listeria monocytogenes 4b Contig263
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1131
SEQ ID N° 3135	Listeria monocytogenes 4b Contig264
SEQ ID N° 3136	Listeria monocytogenes 4b Contig265
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1512
SEQ ID N° 3137	Listeria monocytogenes 4b Contig266
SEQ ID N° 3138	Listeria monocytogenes 4b Contig267
SEQ ID N° 3139	Listeria monocytogenes 4b Contig268
SEQ ID N° 3140	Listeria monocytogenes 4b Contig269

SEQ ID N° 3141	Listeria monocytogenes 4b Contig270 Corresponding to the former SEQ ID n° 1710
SEQ ID N° 3142	Listeria monocytogenes 4b Contig271
SEQ ID N° 3143	Listeria monocytogenes 4b Contig272 Corresponding to the former SEQ ID n° 1450
SEQ ID N° 3144	Listeria monocytogenes 4b Contig273 Corresponding to the former SEQ ID n° 1472
SEQ ID N° 3145	Listeria monocytogenes 4b Contig274 Corresponding to the former SEQ ID n° 1276
SEQ ID N° 3146	Listeria monocytogenes 4b Contig275
SEQ ID N° 3147	Listeria monocytogenes 4b Contig276
SEQ ID N° 3148	Listeria monocytogenes 4b Contig277 Corresponding to the former SEQ ID n° 1524
SEQ ID N° 3149	Listeria monocytogenes 4b Contig278
SEQ ID N° 3150	Listeria monocytogenes 4b Contig279
SEQ ID N° 3151	Listeria monocytogenes 4b Contig280 Corresponding to the former SEQ ID n° 1171
SEQ ID N° 3152	Listeria monocytogenes 4b Contig281 Corresponding to the former SEQ ID n° 1528
SEQ ID N° 3153	Listeria monocytogenes 4b Contig282
SEQ ID N° 3154	Listeria monocytogenes 4b Contig283
SEQ ID N° 3155	Listeria monocytogenes 4b Contig284 Corresponding to the former SEQ ID n° 1570
SEQ ID N° 3156	Listeria monocytogenes 4b Contig285
SEQ ID N° 3157	Listeria monocytogenes 4b Contig286
SEQ ID N° 3158	Listeria monocytogenes 4b Contig287 Corresponding to the former SEQ ID n° 1435
SEQ ID N° 3159	Listeria monocytogenes 4b Contig288
SEQ ID N° 3160	Listeria monocytogenes 4b Contig289 Corresponding to the former SEQ ID n° 1659
SEQ ID N° 3161	Listeria monocytogenes 4b Contig290
SEQ ID N° 3162	Listeria monocytogenes 4b Contig291
SEQ ID N° 3163	Listeria monocytogenes 4b Contig292
SEQ ID N° 3164	Listeria monocytogenes 4b Contig293
SEQ ID N° 3165	Listeria monocytogenes 4b Contig294
SEQ ID N° 3166	Listeria monocytogenes 4b Contig295
SEQ ID N° 3167	Listeria monocytogenes 4b Contig296
SEQ ID N° 3168	Listeria monocytogenes 4b Contig297 Corresponding to the former SEQ ID n° 1500
SEQ ID N° 3169	Listeria monocytogenes 4b Contig298
SEQ ID N° 3170	Listeria monocytogenes 4b Contig299 Corresponding to the former SEQ ID n° 1668
SEQ ID N° 3171	Listeria monocytogenes 4b Contig300
SEQ ID N° 3172	Listeria monocytogenes 4b Contig301 Corresponding to the former SEQ ID n° 1091
SEQ ID N° 3173	Listeria monocytogenes 4b Contig302
SEQ ID N° 3174	Listeria monocytogenes 4b Contig303 Corresponding to the former SEQ ID n° 1338
SEQ ID N° 3175	Listeria monocytogenes 4b Contig304 Corresponding to the former SEQ ID n° 1109

SEQ ID N° 3176	Listeria monocytogenes 4b Contig305
SEQ ID N° 3177	Listeria monocytogenes 4b Contig306
SEQ ID N° 3178	Listeria monocytogenes 4b Contig307
SEQ ID N° 3179	Listeria monocytogenes 4b Contig308
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1380
SEQ ID N° 3180	Listeria monocytogenes 4b Contig309
SEQ ID N° 3181	Listeria monocytogenes 4b Contig310
SEQ ID N° 3182	Listeria monocytogenes 4b Contig311
SEQ ID N° 3183	Listeria monocytogenes 4b Contig312
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1099
SEQ ID N° 3184	Listeria monocytogenes 4b Contig313
SEQ ID N° 3185	Listeria monocytogenes 4b Contig314
SEQ ID N° 3186	Listeria monocytogenes 4b Contig315
SEQ ID N° 3187	Listeria monocytogenes 4b Contig316
SEQ ID N° 3188	Listeria monocytogenes 4b Contig317
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1199
SEQ ID N° 3189	Listeria monocytogenes 4b Contig318
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1506
SEQ ID N° 3190	Listeria monocytogenes 4b Contig319
SEQ ID N° 3191	Listeria monocytogenes 4b Contig320
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1239
SEQ ID N° 3192	Listeria monocytogenes 4b Contig321
SEQ ID N° 3193	Listeria monocytogenes 4b Contig322
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1424
SEQ ID N° 3194	Listeria monocytogenes 4b Contig323
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1576
SEQ ID N° 3195	Listeria monocytogenes 4b Contig324
SEQ ID N° 3196	Listeria monocytogenes 4b Contig325
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1392
SEQ ID N° 3197	Listeria monocytogenes 4b Contig326
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1492
SEQ ID N° 3198	Listeria monocytogenes 4b Contig327
SEQ ID N° 3199	Listeria monocytogenes 4b Contig328
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1122
SEQ ID N° 3200	Listeria monocytogenes 4b Contig329
SEQ ID N° 3201	Listeria monocytogenes 4b Contig330
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1231
SEQ ID N° 3202	Listeria monocytogenes 4b Contig331
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1583
SEQ ID N° 3203	Listeria monocytogenes 4b Contig332
SEQ ID N° 3204	Listeria monocytogenes 4b Contig333
SEQ ID N° 3205	Listeria monocytogenes 4b Contig334
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1125
SEQ ID N° 3206	Listeria monocytogenes 4b Contig335
SEQ ID N° 3207	Listeria monocytogenes 4b Contig336
SEQ ID N° 3208	Listeria monocytogenes 4b Contig337
SEQ ID N° 3209	Listeria monocytogenes 4b Contig338
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1105
SEQ ID N° 3210	Listeria monocytogenes 4b Contig339
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1840

SEQ ID N° 3211	Listeria monocytogenes 4b Contig340 Corresponding to the former SEQ ID n° 1262
SEQ ID N° 3212	Listeria monocytogenes 4b Contig341
SEQ ID N° 3213	Listeria monocytogenes 4b Contig342
SEQ ID N° 3214	Listeria monocytogenes 4b Contig343
SEQ ID N° 3215	Listeria monocytogenes 4b Contig344 Corresponding to the former SEQ ID n° 1662
SEQ ID N° 3216	Listeria monocytogenes 4b Contig345 Corresponding to the former SEQ ID n° 1215
SEQ ID N° 3217	Listeria monocytogenes 4b Contig346 Corresponding to the former SEQ ID n° 1350
SEQ ID N° 3218	Listeria monocytogenes 4b Contig347 Corresponding to the former SEQ ID n° 1101
SEQ ID N° 3219	Listeria monocytogenes 4b Contig348 Corresponding to the former SEQ ID n° 1162
SEQ ID N° 3220	Listeria monocytogenes 4b Contig349 Corresponding to the former SEQ ID n° 1251
SEQ ID N° 3221	Listeria monocytogenes 4b Contig350 Corresponding to the former SEQ ID n° 1696
SEQ ID N° 3222	Listeria monocytogenes 4b Contig351
SEQ ID N° 3223	Listeria monocytogenes 4b Contig352
SEQ ID N° 3224	Listeria monocytogenes 4b Contig353
SEQ ID N° 3225	Listeria monocytogenes 4b Contig354
SEQ ID N° 3226	Listeria monocytogenes 4b Contig355
SEQ ID N° 3227	Listeria monocytogenes 4b Contig356 Corresponding to the former SEQ ID n° 1248
SEQ ID N° 3228	Listeria monocytogenes 4b Contig357 Corresponding to the former SEQ ID n° 1849
SEQ ID N° 3229	Listeria monocytogenes 4b Contig358 Corresponding to the former SEQ ID n° 1229
SEQ ID N° 3230	Listeria monocytogenes 4b Contig359 Corresponding to the former SEQ ID n° 1858
SEQ ID N° 3231	Listeria monocytogenes 4b Contig360 Corresponding to the former SEQ ID n° 1270
SEQ ID N° 3232	Listeria monocytogenes 4b Contig361
SEQ ID N° 3233	Listeria monocytogenes 4b Contig362 Corresponding to the former SEQ ID n° 1862
SEQ ID N° 3234	Listeria monocytogenes 4b Contig363 Corresponding to the former SEQ ID n° 1078
SEQ ID N° 3235	Listeria monocytogenes 4b Contig364 Corresponding to the former SEQ ID n° 1090
SEQ ID N° 3236	Listeria monocytogenes 4b Contig365
SEQ ID N° 3237	Listeria monocytogenes 4b Contig366
SEQ ID N° 3238	Listeria monocytogenes 4b Contig367 Corresponding to the former SEQ ID n° 1115
SEQ ID N° 3239	Listeria monocytogenes 4b Contig368
SEQ ID N° 3240	Listeria monocytogenes 4b Contig369
SEQ ID N° 3241	Listeria monocytogenes 4b Contig370 Corresponding to the former SEQ ID n° 1741
SEQ ID N° 3242	Listeria monocytogenes 4b Contig371

SEQ ID N° 3243	Corresponding to the former SEQ ID n° 1340 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig372
SEQ ID N° 3244	Corresponding to the former SEQ ID n° 1822 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig373
SEQ ID N° 3245	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig374 Corresponding to the former SEQ ID n° 1426
SEQ ID N° 3246	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig375 Corresponding to the former SEQ ID n° 1614
SEQ ID N° 3247	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig376
SEQ ID N° 3248	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig377
SEQ ID N° 3249	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig378
SEQ ID N° 3250	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig379
SEQ ID N° 3251	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig380 Corresponding to the former SEQ ID n° 1679
SEQ ID N° 3252	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig381
SEQ ID N° 3253	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig382
SEQ ID N° 3254	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig383
SEQ ID N° 3255	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig384
SEQ ID N° 3256	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig385 Corresponding to the former SEQ ID n° 1394
SEQ ID N° 3257	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig386 Corresponding to the former SEQ ID n° 1722
SEQ ID N° 3258	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig387
SEQ ID N° 3259	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig388 Corresponding to the former SEQ ID n° 1609
SEQ ID N° 3260	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig389 Corresponding to the former SEQ ID n° 1777
SEQ ID N° 3261	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig390 Corresponding to the former SEQ ID n° 1396
SEQ ID N° 3262	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig391 Corresponding to the former SEQ ID n° 1546
SEQ ID N° 3263	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig392 Corresponding to the former SEQ ID n° 1438
SEQ ID N° 3264	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig393 Corresponding to the former SEQ ID n° 1440
SEQ ID N° 3265	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig394 Corresponding to the former SEQ ID n° 1582
SEQ ID N° 3266	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig395
SEQ ID N° 3267	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig396 Corresponding to the former SEQ ID n° 1449
SEQ ID N° 3268	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig397 Corresponding to the former SEQ ID n° 1651
SEQ ID N° 3269	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig398 Corresponding to the former SEQ ID n° 1325
SEQ ID N° 3270	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig399 Corresponding to the former SEQ ID n° 1703
SEQ ID N° 3271	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig400
SEQ ID N° 3272	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig401 Corresponding to the former SEQ ID n° 1483
SEQ ID N° 3273	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig402

SEQ ID N° 3274	Listeria monocytogenes 4b Contig403 Corresponding to the former SEQ ID n° 1448
SEQ ID N° 3275	Listeria monocytogenes 4b Contig404
SEQ ID N° 3276	Listeria monocytogenes 4b Contig405 Corresponding to the former SEQ ID n° 1653
SEQ ID N° 3277	Listeria monocytogenes 4b Contig406 Corresponding to the former SEQ ID n° 1725
SEQ ID N° 3278	Listeria monocytogenes 4b Contig407
SEQ ID N° 3279	Listeria monocytogenes 4b Contig408 Corresponding to the former SEQ ID n° 1505
SEQ ID N° 3280	Listeria monocytogenes 4b Contig409
SEQ ID N° 3281	Listeria monocytogenes 4b Contig410 Corresponding to the former SEQ ID n° 1669
SEQ ID N° 3282	Listeria monocytogenes 4b Contig411
SEQ ID N° 3283	Listeria monocytogenes 4b Contig412 Corresponding to the former SEQ ID n° 1282
SEQ ID N° 3284	Listeria monocytogenes 4b Contig413
SEQ ID N° 3285	Listeria monocytogenes 4b Contig414
SEQ ID N° 3286	Listeria monocytogenes 4b Contig415
SEQ ID N° 3287	Listeria monocytogenes 4b Contig416 Corresponding to the former SEQ ID n° 1693
SEQ ID N° 3288	Listeria monocytogenes 4b Contig417 Corresponding to the former SEQ ID n° 1242
SEQ ID N° 3289	Listeria monocytogenes 4b Contig418 Corresponding to the former SEQ ID n° 1527
SEQ ID N° 3290	Listeria monocytogenes 4b Contig419 Corresponding to the former SEQ ID n° 1683
SEQ ID N° 3291	Listeria monocytogenes 4b Contig420 Corresponding to the former SEQ ID n° 1166
SEQ ID N° 3292	Listeria monocytogenes 4b Contig421
SEQ ID N° 3293	Listeria monocytogenes 4b Contig422 Corresponding to the former SEQ ID n° 1676
SEQ ID N° 3294	Listeria monocytogenes 4b Contig423 Corresponding to the former SEQ ID n° 1675
SEQ ID N° 3295	Listeria monocytogenes 4b Contig424
SEQ ID N° 3296	Listeria monocytogenes 4b Contig425 Corresponding to the former SEQ ID n° 1299
SEQ ID N° 3297	Listeria monocytogenes 4b Contig426
SEQ ID N° 3298	Listeria monocytogenes 4b Contig427 Corresponding to the former SEQ ID n° 1578
SEQ ID N° 3299	Listeria monocytogenes 4b Contig428
SEQ ID N° 3300	Listeria monocytogenes 4b Contig429 Corresponding to the former SEQ ID n° 1176
SEQ ID N° 3301	Listeria monocytogenes 4b Contig430
SEQ ID N° 3302	Listeria monocytogenes 4b Contig431
SEQ ID N° 3303	Listeria monocytogenes 4b Contig432 Corresponding to the former SEQ ID n° 1263
SEQ ID N° 3304	Listeria monocytogenes 4b Contig433 Corresponding to the former SEQ ID n° 1637
SEQ ID N° 3305	Listeria monocytogenes 4b Contig434

SEQ ID N° 3306	Corresponding to the former SEQ ID n° 1665 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig435 Corresponding to the former SEQ ID n° 1243 Corresponding to the former SEQ ID n° 1431
SEQ ID N° 3307	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig436
SEQ ID N° 3308	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig437
SEQ ID N° 3309	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig438
SEQ ID N° 3310	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig439 Corresponding to the former SEQ ID n° 1615
SEQ ID N° 3311	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig440 Corresponding to the former SEQ ID n° 1074 Corresponding to the former SEQ ID n° 1518
SEQ ID N° 3312	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig441 Corresponding to the former SEQ ID n° 1118
SEQ ID N° 3313	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig442 Corresponding to the former SEQ ID n° 1692
SEQ ID N° 3314	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig443 Corresponding to the former SEQ ID n° 1255
SEQ ID N° 3315	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig444
SEQ ID N° 3316	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig445 Corresponding to the former SEQ ID n° 1283
SEQ ID N° 3317	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig446 Corresponding to the former SEQ ID n° 1387
SEQ ID N° 3318	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig447
SEQ ID N° 3319	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig448 Corresponding to the former SEQ ID n° 1953
SEQ ID N° 3320	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig449
SEQ ID N° 3321	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig450
SEQ ID N° 3322	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig451 Corresponding to the former SEQ ID n° 1714
SEQ ID N° 3323	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig452
SEQ ID N° 3324	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig453
SEQ ID N° 3325	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig454
SEQ ID N° 3326	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig455
SEQ ID N° 3327	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig456
SEQ ID N° 3328	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig457
SEQ ID N° 3329	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig458 Corresponding to the former SEQ ID n° 1208
SEQ ID N° 3330	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig459 Corresponding to the former SEQ ID n° 1403
SEQ ID N° 3331	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig460 Corresponding to the former SEQ ID n° 1443 Corresponding to the former SEQ ID n° 1558
SEQ ID N° 3332	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig461 Corresponding to the former SEQ ID n° 1323
SEQ ID N° 3333	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig462 Corresponding to the former SEQ ID n° 1184
SEQ ID N° 3334	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig463
SEQ ID N° 3335	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig464
SEQ ID N° 3336	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig465

SEQ ID N° 3337	Corresponding to the former SEQ ID n° 1274 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig466
SEQ ID N° 3338	Corresponding to the former SEQ ID n° 1815 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig467
SEQ ID N° 3339	Corresponding to the former SEQ ID n° 1607 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig468
SEQ ID N° 3340	Corresponding to the former SEQ ID n° 1573 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig469
SEQ ID N° 3341	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig470
SEQ ID N° 3342	Corresponding to the former SEQ ID n° 1737 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig471
SEQ ID N° 3343	Corresponding to the former SEQ ID n° 1404 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig472
SEQ ID N° 3344	Corresponding to the former SEQ ID n° 1344 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig473
SEQ ID N° 3345	Corresponding to the former SEQ ID n° 1197 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig474
SEQ ID N° 3346	Corresponding to the former SEQ ID n° 1490 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig475
SEQ ID N° 3347	Corresponding to the former SEQ ID n° 1346 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig476
SEQ ID N° 3348	Corresponding to the former SEQ ID n° 1112 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig477
SEQ ID N° 3349	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig478
SEQ ID N° 3350	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig479
SEQ ID N° 3351	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig480
SEQ ID N° 3352	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig481
SEQ ID N° 3353	Corresponding to the former SEQ ID n° 1213 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig482
SEQ ID N° 3354	Corresponding to the former SEQ ID n° 1124 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig483
SEQ ID N° 3355	Corresponding to the former SEQ ID n° 1250 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig484
SEQ ID N° 3356	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig485
SEQ ID N° 3357	Corresponding to the former SEQ ID n° 1362 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig486
SEQ ID N° 3358	Corresponding to the former SEQ ID n° 1408 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig487
SEQ ID N° 3359	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig488
SEQ ID N° 3360	Corresponding to the former SEQ ID n° 1331 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig489
SEQ ID N° 3361	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig490
SEQ ID N° 3362	Corresponding to the former SEQ ID n° 1596 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig491
SEQ ID N° 3363	Corresponding to the former SEQ ID n° 1537 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig492
SEQ ID N° 3364	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig493
SEQ ID N° 3365	Corresponding to the former SEQ ID n° 1503 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig494
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1915

SEQ ID N° 3366	Listeria monocytogenes 4b Contig495
SEQ ID N° 3367	Listeria monocytogenes 4b Contig496
SEQ ID N° 3368	Listeria monocytogenes 4b Contig497
SEQ ID N° 3369	Listeria monocytogenes 4b Contig498
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1476
SEQ ID N° 3370	Listeria monocytogenes 4b Contig499
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1871
SEQ ID N° 3371	Listeria monocytogenes 4b Contig500
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1071
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1526
SEQ ID N° 3372	Listeria monocytogenes 4b Contig501
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1324
SEQ ID N° 3373	Listeria monocytogenes 4b Contig502
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1709
SEQ ID N° 3374	Listeria monocytogenes 4b Contig503
SEQ ID N° 3375	Listeria monocytogenes 4b Contig504
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1172
SEQ ID N° 3376	Listeria monocytogenes 4b Contig505
SEQ ID N° 3377	Listeria monocytogenes 4b Contig506
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1077
SEQ ID N° 3378	Listeria monocytogenes 4b Contig507
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1329
SEQ ID N° 3379	Listeria monocytogenes 4b Contig508
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1416
SEQ ID N° 3380	Listeria monocytogenes 4b Contig509
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1763
SEQ ID N° 3381	Listeria monocytogenes 4b Contig510
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1916
SEQ ID N° 3382	Listeria monocytogenes 4b Contig511
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1285
SEQ ID N° 3383	Listeria monocytogenes 4b Contig512
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1298
SEQ ID N° 3384	Listeria monocytogenes 4b Contig513
SEQ ID N° 3385	Listeria monocytogenes 4b Contig514
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1237
SEQ ID N° 3386	Listeria monocytogenes 4b Contig515
SEQ ID N° 3387	Listeria monocytogenes 4b Contig516
SEQ ID N° 3388	Listeria monocytogenes 4b Contig517
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1658
SEQ ID N° 3389	Listeria monocytogenes 4b Contig518
SEQ ID N° 3390	Listeria monocytogenes 4b Contig519
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1454
SEQ ID N° 3391	Listeria monocytogenes 4b Contig520
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1351
SEQ ID N° 3392	Listeria monocytogenes 4b Contig521
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1148
SEQ ID N° 3393	Listeria monocytogenes 4b Contig522
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1456
SEQ ID N° 3394	Listeria monocytogenes 4b Contig523
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1899

SEQ ID N° 3395	Listeria monocytogenes 4b Contig524 Corresponding to the former SEQ ID n° 1847
SEQ ID N° 3396	Listeria monocytogenes 4b Contig525 Corresponding to the former SEQ ID n° 1639
SEQ ID N° 3397	Listeria monocytogenes 4b Contig526 Corresponding to the former SEQ ID n° 1663
SEQ ID N° 3398	Listeria monocytogenes 4b Contig527 Corresponding to the former SEQ ID n° 1093
SEQ ID N° 3399	Listeria monocytogenes 4b Contig528 Corresponding to the former SEQ ID n° 1193
SEQ ID N° 3400	Listeria monocytogenes 4b Contig529 Corresponding to the former SEQ ID n° 1280
SEQ ID N° 3401	Listeria monocytogenes 4b Contig530 Corresponding to the former SEQ ID n° 1143
SEQ ID N° 3402	Listeria monocytogenes 4b Contig531 Corresponding to the former SEQ ID n° 1499
SEQ ID N° 3403	Listeria monocytogenes 4b Contig532 Corresponding to the former SEQ ID n° 1627
SEQ ID N° 3404	Listeria monocytogenes 4b Contig533
SEQ ID N° 3405	Listeria monocytogenes 4b Contig534
SEQ ID N° 3406	Listeria monocytogenes 4b Contig535 Corresponding to the former SEQ ID n° 1133
SEQ ID N° 3407	Listeria monocytogenes 4b Contig536 Corresponding to the former SEQ ID n° 1163
SEQ ID N° 3408	Listeria monocytogenes 4b Contig537 Corresponding to the former SEQ ID n° 1135
SEQ ID N° 3409	Listeria monocytogenes 4b Contig538
SEQ ID N° 3410	Listeria monocytogenes 4b Contig539 Corresponding to the former SEQ ID n° 1838
SEQ ID N° 3411	Listeria monocytogenes 4b Contig540 Corresponding to the former SEQ ID n° 1217
SEQ ID N° 3412	Listeria monocytogenes 4b Contig541 Corresponding to the former SEQ ID n° 1297
SEQ ID N° 3413	Listeria monocytogenes 4b Contig542
SEQ ID N° 3414	Listeria monocytogenes 4b Contig543 Corresponding to the former SEQ ID n° 1765
SEQ ID N° 3415	Listeria monocytogenes 4b Contig544 Corresponding to the former SEQ ID n° 1228
SEQ ID N° 3416	Listeria monocytogenes 4b Contig545 Corresponding to the former SEQ ID n° 1638
SEQ ID N° 3417	Listeria monocytogenes 4b Contig546 Corresponding to the former SEQ ID n° 1965
SEQ ID N° 3418	Listeria monocytogenes 4b Contig547 Corresponding to the former SEQ ID n° 1211
SEQ ID N° 3419	Listeria monocytogenes 4b Contig548 Corresponding to the former SEQ ID n° 1327
SEQ ID N° 3420	Listeria monocytogenes 4b Contig549 Corresponding to the former SEQ ID n° 1502
SEQ ID N° 3421	Listeria monocytogenes 4b Contig550 Corresponding to the former SEQ ID n° 1252

SEQ ID N° 3422	Listeria monocytogenes 4b Contig551 Corresponding to the former SEQ ID n° 1721
SEQ ID N° 3423	Listeria monocytogenes 4b Contig552 Corresponding to the former SEQ ID n° 1349 Corresponding to the former SEQ ID n° 1728
SEQ ID N° 3424	Listeria monocytogenes 4b Contig553 Corresponding to the former SEQ ID n° 1691
SEQ ID N° 3425	Listeria monocytogenes 4b Contig554 Corresponding to the former SEQ ID n° 1227 Corresponding to the former SEQ ID n° 1399
SEQ ID N° 3426	Listeria monocytogenes 4b Contig555 Corresponding to the former SEQ ID n° 1555
SEQ ID N° 3427	Listeria monocytogenes 4b Contig556
SEQ ID N° 3428	Listeria monocytogenes 4b Contig557 Corresponding to the former SEQ ID n° 1114 Corresponding to the former SEQ ID n° 1366
SEQ ID N° 3429	Listeria monocytogenes 4b Contig558
SEQ ID N° 3430	Listeria monocytogenes 4b Contig559 Corresponding to the former SEQ ID n° 1805
SEQ ID N° 3431	Listeria monocytogenes 4b Contig560 Corresponding to the former SEQ ID n° 1852
SEQ ID N° 3432	Listeria monocytogenes 4b Contig561
SEQ ID N° 3433	Listeria monocytogenes 4b Contig562 Corresponding to the former SEQ ID n° 1923
SEQ ID N° 3434	Listeria monocytogenes 4b Contig563 Corresponding to the former SEQ ID n° 1395
SEQ ID N° 3435	Listeria monocytogenes 4b Contig564 Corresponding to the former SEQ ID n° 1561
SEQ ID N° 3436	Listeria monocytogenes 4b Contig565
SEQ ID N° 3437	Listeria monocytogenes 4b Contig566 Corresponding to the former SEQ ID n° 1643
SEQ ID N° 3438	Listeria monocytogenes 4b Contig567 Corresponding to the former SEQ ID n° 1820
SEQ ID N° 3439	Listeria monocytogenes 4b Contig568 Corresponding to the former SEQ ID n° 1177
SEQ ID N° 3440	Listeria monocytogenes 4b Contig569
SEQ ID N° 3441	Listeria monocytogenes 4b Contig570 Corresponding to the former SEQ ID n° 1501
SEQ ID N° 3442	Listeria monocytogenes 4b Contig571 Corresponding to the former SEQ ID n° 1195
SEQ ID N° 3443	Listeria monocytogenes 4b Contig572 Corresponding to the former SEQ ID n° 1556
SEQ ID N° 3444	Listeria monocytogenes 4b Contig573
SEQ ID N° 3445	Listeria monocytogenes 4b Contig574 Corresponding to the former SEQ ID n° 1888
SEQ ID N° 3446	Listeria monocytogenes 4b Contig575 Corresponding to the former SEQ ID n° 1730
SEQ ID N° 3447	Listeria monocytogenes 4b Contig576 Corresponding to the former SEQ ID n° 1629
SEQ ID N° 3448	Listeria monocytogenes 4b Contig577

SEQ ID N° 3449	Corresponding to the former SEQ ID n° 1688 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig578
SEQ ID N° 3450	Corresponding to the former SEQ ID n° 1549 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig579
SEQ ID N° 3451	Corresponding to the former SEQ ID n° 1673 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig580
SEQ ID N° 3452	Corresponding to the former SEQ ID n° 1273 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig581
SEQ ID N° 3453	Corresponding to the former SEQ ID n° 1415 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig582
SEQ ID N° 3454	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig583
SEQ ID N° 3455	Corresponding to the former SEQ ID n° 1281 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig584
SEQ ID N° 3456	Corresponding to the former SEQ ID n° 1572 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig585
SEQ ID N° 3457	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig586
SEQ ID N° 3458	Corresponding to the former SEQ ID n° 1949 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig587
SEQ ID N° 3459	Corresponding to the former SEQ ID n° 1625 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig588
SEQ ID N° 3460	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig589
SEQ ID N° 3461	Corresponding to the former SEQ ID n° 1622 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig590
SEQ ID N° 3462	Corresponding to the former SEQ ID n° 1086 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig591
SEQ ID N° 3463	Corresponding to the former SEQ ID n° 1781 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig592
SEQ ID N° 3464	Corresponding to the former SEQ ID n° 1304 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig593
SEQ ID N° 3465	Corresponding to the former SEQ ID n° 1489 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig594
SEQ ID N° 3466	Corresponding to the former SEQ ID n° 1770 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig595
SEQ ID N° 3467	Corresponding to the former SEQ ID n° 1377 Corresponding to the former SEQ ID n° 1689 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig596
SEQ ID N° 3468	Corresponding to the former SEQ ID n° 1225 Corresponding to the former SEQ ID n° 1759 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig597
SEQ ID N° 3469	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig598
SEQ ID N° 3470	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig599
SEQ ID N° 3471	Corresponding to the former SEQ ID n° 1477 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig600
SEQ ID N° 3472	Corresponding to the former SEQ ID n° 1903 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig601
SEQ ID N° 3473	Corresponding to the former SEQ ID n° 1961 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig602
SEQ ID N° 3474	Corresponding to the former SEQ ID n° 1754 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig603
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1188

SEQ ID N° 3475	Listeria monocytogenes 4b Contig604
SEQ ID N° 3476	Listeria monocytogenes 4b Contig605
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1913
SEQ ID N° 3477	Listeria monocytogenes 4b Contig606
SEQ ID N° 3478	Listeria monocytogenes 4b Contig607
SEQ ID N° 3479	Listeria monocytogenes 4b Contig608
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1439
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1545
SEQ ID N° 3480	Listeria monocytogenes 4b Contig609
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1794
SEQ ID N° 3481	Listeria monocytogenes 4b Contig610
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1798
SEQ ID N° 3482	Listeria monocytogenes 4b Contig611
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1200
SEQ ID N° 3483	Listeria monocytogenes 4b Contig612
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1808
SEQ ID N° 3484	Listeria monocytogenes 4b Contig613
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1894
SEQ ID N° 3485	Listeria monocytogenes 4b Contig614
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1812
SEQ ID N° 3486	Listeria monocytogenes 4b Contig615
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1205
SEQ ID N° 3487	Listeria monocytogenes 4b Contig616
SEQ ID N° 3488	Listeria monocytogenes 4b Contig617
SEQ ID N° 3489	Listeria monocytogenes 4b Contig618
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1352
SEQ ID N° 3490	Listeria monocytogenes 4b Contig619
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1142
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1601
SEQ ID N° 3491	Listeria monocytogenes 4b Contig620
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1575
SEQ ID N° 3492	Listeria monocytogenes 4b Contig621
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1670
SEQ ID N° 3493	Listeria monocytogenes 4b Contig622
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1890
SEQ ID N° 3494	Listeria monocytogenes 4b Contig623
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1333
SEQ ID N° 3495	Listeria monocytogenes 4b Contig624
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1789
SEQ ID N° 3496	Listeria monocytogenes 4b Contig625
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1508
SEQ ID N° 3497	Listeria monocytogenes 4b Contig626
SEQ ID N° 3498	Listeria monocytogenes 4b Contig627
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1775
SEQ ID N° 3499	Listeria monocytogenes 4b Contig628
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1391
SEQ ID N° 3500	Listeria monocytogenes 4b Contig629
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1657
SEQ ID N° 3501	Listeria monocytogenes 4b Contig630
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1851

SEQ ID N° 3502	Listeria monocytogenes 4b Contig631
SEQ ID N° 3503	Listeria monocytogenes 4b Contig632
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1711
SEQ ID N° 3504	Listeria monocytogenes 4b Contig633
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1169
SEQ ID N° 3505	Listeria monocytogenes 4b Contig634
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1660
SEQ ID N° 3506	Listeria monocytogenes 4b Contig635
SEQ ID N° 3507	Listeria monocytogenes 4b Contig636
SEQ ID N° 3508	Listeria monocytogenes 4b Contig637
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1767
SEQ ID N° 3509	Listeria monocytogenes 4b Contig638
SEQ ID N° 3510	Listeria monocytogenes 4b Contig639
SEQ ID N° 3511	Listeria monocytogenes 4b Contig640
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1992
SEQ ID N° 3512	Listeria monocytogenes 4b Contig641
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1413
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1515
SEQ ID N° 3513	Listeria monocytogenes 4b Contig642
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1140
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1373
SEQ ID N° 3514	Listeria monocytogenes 4b Contig643
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1498
SEQ ID N° 3515	Listeria monocytogenes 4b Contig644
SEQ ID N° 3516	Listeria monocytogenes 4b Contig645
SEQ ID N° 3517	Listeria monocytogenes 4b Contig646
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1496
SEQ ID N° 3518	Listeria monocytogenes 4b Contig647
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1934
SEQ ID N° 3519	Listeria monocytogenes 4b Contig648
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1650
SEQ ID N° 3520	Listeria monocytogenes 4b Contig649
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1233
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1671
SEQ ID N° 3521	Listeria monocytogenes 4b Contig650
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1950
SEQ ID N° 3522	Listeria monocytogenes 4b Contig651
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1889
SEQ ID N° 3523	Listeria monocytogenes 4b Contig652
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1922
SEQ ID N° 3524	Listeria monocytogenes 4b Contig653
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1313
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1453
SEQ ID N° 3525	Listeria monocytogenes 4b Contig654
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1185
SEQ ID N° 3526	Listeria monocytogenes 4b Contig655
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1562
SEQ ID N° 3527	Listeria monocytogenes 4b Contig656
SEQ ID N° 3528	Listeria monocytogenes 4b Contig657
SEQ ID N° 3529	Listeria monocytogenes 4b Contig658

SEQ ID N° 3530	Listeria monocytogenes 4b Contig659 Corresponding to the former SEQ ID n° 1348
SEQ ID N° 3531	Listeria monocytogenes 4b Contig660 Corresponding to the former SEQ ID n° 1293
SEQ ID N° 3532	Listeria monocytogenes 4b Contig661 Corresponding to the former SEQ ID n° 1165 Corresponding to the former SEQ ID n° 1762
SEQ ID N° 3533	Listeria monocytogenes 4b Contig662 Corresponding to the former SEQ ID n° 1640
SEQ ID N° 3534	Listeria monocytogenes 4b Contig663
SEQ ID N° 3535	Listeria monocytogenes 4b Contig664
SEQ ID N° 3536	Listeria monocytogenes 4b Contig665 Corresponding to the former SEQ ID n° 1764
SEQ ID N° 3537	Listeria monocytogenes 4b Contig666 Corresponding to the former SEQ ID n° 1543
SEQ ID N° 3538	Listeria monocytogenes 4b Contig667 Corresponding to the former SEQ ID n° 1844
SEQ ID N° 3539	Listeria monocytogenes 4b Contig668 Corresponding to the former SEQ ID n° 1560
SEQ ID N° 3540	Listeria monocytogenes 4b Contig669 Corresponding to the former SEQ ID n° 1744
SEQ ID N° 3541	Listeria monocytogenes 4b Contig670 Corresponding to the former SEQ ID n° 1796
SEQ ID N° 3542	Listeria monocytogenes 4b Contig671 Corresponding to the former SEQ ID n° 1776
SEQ ID N° 3543	Listeria monocytogenes 4b Contig672 Corresponding to the former SEQ ID n° 1897
SEQ ID N° 3544	Listeria monocytogenes 4b Contig673 Corresponding to the former SEQ ID n° 1704
SEQ ID N° 3545	Listeria monocytogenes 4b Contig674 Corresponding to the former SEQ ID n° 1713
SEQ ID N° 3546	Listeria monocytogenes 4b Contig675 Corresponding to the former SEQ ID n° 1295 Corresponding to the former SEQ ID n° 1353
SEQ ID N° 3547	Listeria monocytogenes 4b Contig676 Corresponding to the former SEQ ID n° 1303
SEQ ID N° 3548	Listeria monocytogenes 4b Contig677
SEQ ID N° 3549	Listeria monocytogenes 4b Contig678
SEQ ID N° 3550	Listeria monocytogenes 4b Contig679
SEQ ID N° 3551	Listeria monocytogenes 4b Contig680
SEQ ID N° 3552	Listeria monocytogenes 4b Contig681 Corresponding to the former SEQ ID n° 1212 Corresponding to the former SEQ ID n° 1521
SEQ ID N° 3553	Listeria monocytogenes 4b Contig682
SEQ ID N° 3554	Listeria monocytogenes 4b Contig683 Corresponding to the former SEQ ID n° 1694
SEQ ID N° 3555	Listeria monocytogenes 4b Contig684 Corresponding to the former SEQ ID n° 1939
SEQ ID N° 3556	Listeria monocytogenes 4b Contig685 Corresponding to the former SEQ ID n° 1717

SEQ ID N° 3557	Listeria monocytogenes 4b Contig686 Corresponding to the former SEQ ID n° 1626
SEQ ID N° 3558	Listeria monocytogenes 4b Contig687 Corresponding to the former SEQ ID n° 1585
SEQ ID N° 3559	Listeria monocytogenes 4b Contig688 Corresponding to the former SEQ ID n° 1491
SEQ ID N° 3560	Listeria monocytogenes 4b Contig689 Corresponding to the former SEQ ID n° 1314 Corresponding to the former SEQ ID n° 1481
SEQ ID N° 3561	Listeria monocytogenes 4b Contig690 Corresponding to the former SEQ ID n° 1155
SEQ ID N° 3562	Listeria monocytogenes 4b Contig691 Corresponding to the former SEQ ID n° 1149 Corresponding to the former SEQ ID n° 1747
SEQ ID N° 3563	Listeria monocytogenes 4b Contig692 Corresponding to the former SEQ ID n° 1364
SEQ ID N° 3564	Listeria monocytogenes 4b Contig693 Corresponding to the former SEQ ID n° 1594
SEQ ID N° 3565	Listeria monocytogenes 4b Contig694 Corresponding to the former SEQ ID n° 1398 Corresponding to the former SEQ ID n° 1771
SEQ ID N° 3566	Listeria monocytogenes 4b Contig695 Corresponding to the former SEQ ID n° 1178 Corresponding to the former SEQ ID n° 1684
SEQ ID N° 3567	Listeria monocytogenes 4b Contig696 Corresponding to the former SEQ ID n° 1433 Corresponding to the former SEQ ID n° 1756
SEQ ID N° 3568	Listeria monocytogenes 4b Contig697 Corresponding to the former SEQ ID n° 1774
SEQ ID N° 3569	Listeria monocytogenes 4b Contig698
SEQ ID N° 3570	Listeria monocytogenes 4b Contig699 Corresponding to the former SEQ ID n° 1300
SEQ ID N° 3571	Listeria monocytogenes 4b Contig700
SEQ ID N° 3572	Listeria monocytogenes 4b Contig701 Corresponding to the former SEQ ID n° 1547
SEQ ID N° 3573	Listeria monocytogenes 4b Contig702 Corresponding to the former SEQ ID n° 1788
SEQ ID N° 3574	Listeria monocytogenes 4b Contig703
SEQ ID N° 3575	Listeria monocytogenes 4b Contig704 Corresponding to the former SEQ ID n° 1872
SEQ ID N° 3576	Listeria monocytogenes 4b Contig705 Corresponding to the former SEQ ID n° 1861
SEQ ID N° 3577	Listeria monocytogenes 4b Contig706 Corresponding to the former SEQ ID n° 1932
SEQ ID N° 3578	Listeria monocytogenes 4b Contig707 Corresponding to the former SEQ ID n° 1553
SEQ ID N° 3579	Listeria monocytogenes 4b Contig708 Corresponding to the former SEQ ID n° 1473
SEQ ID N° 3580	Listeria monocytogenes 4b Contig709 Corresponding to the former SEQ ID n° 1328

SEQ ID N° 3581	Corresponding to the former SEQ ID n° 1745 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig710
SEQ ID N° 3582	Corresponding to the former SEQ ID n° 1557 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig711
SEQ ID N° 3583	Corresponding to the former SEQ ID n° 1773 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig712
SEQ ID N° 3584	Corresponding to the former SEQ ID n° 1444 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig713
SEQ ID N° 3585	Corresponding to the former SEQ ID n° 1826 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig714
SEQ ID N° 3586	Corresponding to the former SEQ ID n° 1356 Corresponding to the former SEQ ID n° 1612 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig715
SEQ ID N° 3587	Corresponding to the former SEQ ID n° 1952 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig716
SEQ ID N° 3588	Corresponding to the former SEQ ID n° 1874 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig717
SEQ ID N° 3589	Corresponding to the former SEQ ID n° 1095 Corresponding to the former SEQ ID n° 1173 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig718
SEQ ID N° 3590	Corresponding to the former SEQ ID n° 1800 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig719
SEQ ID N° 3591	Corresponding to the former SEQ ID n° 1320 Corresponding to the former SEQ ID n° 1832 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig720
SEQ ID N° 3592	Corresponding to the former SEQ ID n° 1160 Corresponding to the former SEQ ID n° 1641 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig721
SEQ ID N° 3593	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig722
SEQ ID N° 3594	Corresponding to the former SEQ ID n° 1144 Corresponding to the former SEQ ID n° 1216 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig723
SEQ ID N° 3595	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig724
SEQ ID N° 3596	Corresponding to the former SEQ ID n° 2026 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig725
SEQ ID N° 3597	Corresponding to the former SEQ ID n° 1226 Corresponding to the former SEQ ID n° 1588 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig726
SEQ ID N° 3598	Corresponding to the former SEQ ID n° 1804 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig727
SEQ ID N° 3599	Corresponding to the former SEQ ID n° 1393 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig728
SEQ ID N° 3600	Corresponding to the former SEQ ID n° 1223 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig729
SEQ ID N° 3601	Corresponding to the former SEQ ID n° 1973 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig730
SEQ ID N° 3602	Corresponding to the former SEQ ID n° 1743 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig731
SEQ ID N° 3603	Corresponding to the former SEQ ID n° 1860 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig732

SEQ ID N° 3604	Corresponding to the former SEQ ID n° 1203 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig733
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1690
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1701
SEQ ID N° 3605	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig734
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1525
SEQ ID N° 3606	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig735
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1272
SEQ ID N° 3607	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig736
SEQ ID N° 3608	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig737
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1986
SEQ ID N° 3609	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig738
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1799
SEQ ID N° 3610	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig739
SEQ ID N° 3611	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig740
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1070
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1783
SEQ ID N° 3612	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig741
SEQ ID N° 3613	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig742
SEQ ID N° 3614	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig743
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1437
SEQ ID N° 3615	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig744
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1094
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1523
SEQ ID N° 3616	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig745
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1929
SEQ ID N° 3617	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig746
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1383
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1486
SEQ ID N° 3618	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig747
SEQ ID N° 3619	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig748
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1957
SEQ ID N° 3620	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig749
SEQ ID N° 3621	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig750
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1859
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1963
SEQ ID N° 3622	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig751
SEQ ID N° 3623	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig752
SEQ ID N° 3624	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig753
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1971
SEQ ID N° 3625	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig754
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1189
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1289
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1619
SEQ ID N° 3626	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig755
SEQ ID N° 3627	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig756
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1883
SEQ ID N° 3628	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig757
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1316
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1460

SEQ ID N° 3629	Listeria monocytogenes 4b Contig758
SEQ ID N° 3630	Listeria monocytogenes 4b Contig759
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1389
SEQ ID N° 3631	Listeria monocytogenes 4b Contig760
SEQ ID N° 3632	Listeria monocytogenes 4b Contig761
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1397
SEQ ID N° 3633	Listeria monocytogenes 4b Contig762
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1261
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1531
SEQ ID N° 3634	Listeria monocytogenes 4b Contig763
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1563
SEQ ID N° 3635	Listeria monocytogenes 4b Contig764
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1945
SEQ ID N° 3636	Listeria monocytogenes 4b Contig765
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1306
SEQ ID N° 3637	Listeria monocytogenes 4b Contig766
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1253
SEQ ID N° 3638	Listeria monocytogenes 4b Contig767
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1116
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1154
SEQ ID N° 3639	Listeria monocytogenes 4b Contig768
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1807
SEQ ID N° 3640	Listeria monocytogenes 4b Contig769
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1580
SEQ ID N° 3641	Listeria monocytogenes 4b Contig770
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1234
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1951
SEQ ID N° 3642	Listeria monocytogenes 4b Contig771
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1933
SEQ ID N° 3643	Listeria monocytogenes 4b Contig772
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1186
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1462
SEQ ID N° 3644	Listeria monocytogenes 4b Contig773
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1073
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1167
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1322
SEQ ID N° 3645	Listeria monocytogenes 4b Contig774
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1686
SEQ ID N° 3646	Listeria monocytogenes 4b Contig775
	Corresponding to the former SEQ ID n° 2005
SEQ ID N° 3647	Listeria monocytogenes 4b Contig776
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1385
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1685
SEQ ID N° 3648	Listeria monocytogenes 4b Contig777
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1277
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1785
SEQ ID N° 3649	Listeria monocytogenes 4b Contig778
SEQ ID N° 3650	Listeria monocytogenes 4b Contig779
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1946
SEQ ID N° 3651	Listeria monocytogenes 4b Contig780

	Corresponding to the former SEQ ID n° 1388
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1732
SEQ ID N° 3652	Listeria monocytogenes 4b Contig781
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1652
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1697
SEQ ID N° 3653	Listeria monocytogenes 4b Contig782
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1244
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1286
SEQ ID N° 3654	Listeria monocytogenes 4b Contig783
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1275
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1421
SEQ ID N° 3655	Listeria monocytogenes 4b Contig784
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1240
SEQ ID N° 3656	Listeria monocytogenes 4b Contig785
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1129
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1384
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1469
SEQ ID N° 3657	Listeria monocytogenes 4b Contig786
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1610
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1857
SEQ ID N° 3658	Listeria monocytogenes 4b Contig787
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1484
SEQ ID N° 3659	Listeria monocytogenes 4b Contig788
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1081
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1117
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1196
SEQ ID N° 3660	Listeria monocytogenes 4b Contig789
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1175
SEQ ID N° 3661	Listeria monocytogenes 4b Contig790
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1727
SEQ ID N° 3662	Listeria monocytogenes 4b Contig791
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1925
SEQ ID N° 3663	Listeria monocytogenes 4b Contig792
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1134
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1157
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1779
SEQ ID N° 3664	Listeria monocytogenes 4b Contig793
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1795
SEQ ID N° 3665	Listeria monocytogenes 4b Contig794
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1988
SEQ ID N° 3666	Listeria monocytogenes 4b Contig795
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1616
SEQ ID N° 3667	Listeria monocytogenes 4b Contig796
SEQ ID N° 3668	Listeria monocytogenes 4b Contig797
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1103
SEQ ID N° 3669	Listeria monocytogenes 4b Contig798
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1511
SEQ ID N° 3670	Listeria monocytogenes 4b Contig799
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1446
SEQ ID N° 3671	Listeria monocytogenes 4b Contig800

	Corresponding to the former SEQ ID n° 1264
	Corresponding to the former SEQ ID n° 2017
SEQ ID N° 3672	Listeria monocytogenes 4b Contig801
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1151
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1577
SEQ ID N° 3673	Listeria monocytogenes 4b Contig802
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1520
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1755
SEQ ID N° 3674	Listeria monocytogenes 4b Contig803
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1291
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1305
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1589
SEQ ID N° 3675	Listeria monocytogenes 4b Contig804
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1207
SEQ ID N° 3676	Listeria monocytogenes 4b Contig805
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1987
SEQ ID N° 3677	Listeria monocytogenes 4b Contig806
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1912
SEQ ID N° 3678	Listeria monocytogenes 4b Contig807
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1432
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1681
SEQ ID N° 3679	Listeria monocytogenes 4b Contig808
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1955
SEQ ID N° 3680	Listeria monocytogenes 4b Contig809
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1382
SEQ ID N° 3681	Listeria monocytogenes 4b Contig810
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1885
SEQ ID N° 3682	Listeria monocytogenes 4b Contig811
SEQ ID N° 3683	Listeria monocytogenes 4b Contig812
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1451
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1592
SEQ ID N° 3684	Listeria monocytogenes 4b Contig813
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1402
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1647
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1768
SEQ ID N° 3685	Listeria monocytogenes 4b Contig814
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1522
SEQ ID N° 3686	Listeria monocytogenes 4b Contig815
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1984
SEQ ID N° 3687	Listeria monocytogenes 4b Contig816
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1335
SEQ ID N° 3688	Listeria monocytogenes 4b Contig817
	Corresponding to the former SEQ ID n° 2007
SEQ ID N° 3689	Listeria monocytogenes 4b Contig818
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1121
SEQ ID N° 3690	Listeria monocytogenes 4b Contig819
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1182
SEQ ID N° 3691	Listeria monocytogenes 4b Contig820
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1554
SEQ ID N° 3692	Listeria monocytogenes 4b Contig821

	Corresponding to the former SEQ ID n° 1153
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1458
SEQ ID N° 3693	Listeria monocytogenes 4b Contig822
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1254
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1864
SEQ ID N° 3694	Listeria monocytogenes 4b Contig823
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1407
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1736
SEQ ID N° 3695	Listeria monocytogenes 4b Contig824
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1412
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1482
SEQ ID N° 3696	Listeria monocytogenes 4b Contig825
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1360
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1375
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1645
SEQ ID N° 3697	Listeria monocytogenes 4b Contig826
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1164
SEQ ID N° 3698	Listeria monocytogenes 4b Contig827
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1459
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1772
SEQ ID N° 3699	Listeria monocytogenes 4b Contig828
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1334
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1533
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1750
SEQ ID N° 3700	Listeria monocytogenes 4b Contig829
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1586
SEQ ID N° 3701	Listeria monocytogenes 4b Contig830
	Corresponding to the former SEQ ID n° 2021
SEQ ID N° 3702	Listeria monocytogenes 4b Contig831
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1374
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1819
SEQ ID N° 3703	Listeria monocytogenes 4b Contig832
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1425
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1598
SEQ ID N° 3704	Listeria monocytogenes 4b Contig833
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1198
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1296
SEQ ID N° 3705	Listeria monocytogenes 4b Contig834
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1893
SEQ ID N° 3706	Listeria monocytogenes 4b Contig835
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1119
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1720
SEQ ID N° 3707	Listeria monocytogenes 4b Contig836
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1457
SEQ ID N° 3708	Listeria monocytogenes 4b Contig837
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1655
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1880
SEQ ID N° 3709	Listeria monocytogenes 4b Contig838
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1191
SEQ ID N° 3710	Listeria monocytogenes 4b Contig839

SEQ ID N° 3711	Corresponding to the former SEQ ID n° 1358 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig840
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1187
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1495
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1856
SEQ ID N° 3712	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig841
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1130
SEQ ID N° 3713	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig842
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1141
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1292
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1452
SEQ ID N° 3714	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig843
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1120
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1967
SEQ ID N° 3715	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig844
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1954
SEQ ID N° 3716	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig845
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1966
SEQ ID N° 3717	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig846
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1680
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1882
SEQ ID N° 3718	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig847
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1474
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1842
SEQ ID N° 3719	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig848
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1102
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1423
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1559
SEQ ID N° 3720	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig849
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1128
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1181
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1599
SEQ ID N° 3721	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig850
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1269
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1791
SEQ ID N° 3722	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig851
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1218
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1928
SEQ ID N° 3723	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig852
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1938
SEQ ID N° 3724	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig853
	Corresponding to the former SEQ ID n° 2028
SEQ ID N° 3725	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig854
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1376
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1870
SEQ ID N° 3726	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig855
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1278
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1634
SEQ ID N° 3727	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig856
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1312

SEQ ID N° 3728	Corresponding to the former SEQ ID n° 1705 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig857
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1479
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1972
SEQ ID N° 3729	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig858
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1307
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1829
SEQ ID N° 3730	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig859
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1123
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1687
SEQ ID N° 3731	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig860
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1905
SEQ ID N° 3732	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig861
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1579
SEQ ID N° 3733	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig862
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1080
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1146
SEQ ID N° 3734	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig863
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1111
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1514
SEQ ID N° 3735	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig864
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1139
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1602
SEQ ID N° 3736	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig865
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1221
	Corresponding to the former SEQ ID n° 2010
SEQ ID N° 3737	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig866
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1174
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1480
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1895
SEQ ID N° 3738	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig867
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1780
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1784
SEQ ID N° 3739	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig868
	Corresponding to the former SEQ ID n° 2009
SEQ ID N° 3740	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig869
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1308
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1597
SEQ ID N° 3741	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig870
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1311
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1315
	Corresponding to the former SEQ ID n° 2003
SEQ ID N° 3742	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig871
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1493
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1707
SEQ ID N° 3743	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig872
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1089
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1624
SEQ ID N° 3744	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig873
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1846

SEQ ID N° 3745	Listeria monocytogenes 4b Contig874 Corresponding to the former SEQ ID n° 1603 Corresponding to the former SEQ ID n° 1921
SEQ ID N° 3746	Listeria monocytogenes 4b Contig875 Corresponding to the former SEQ ID n° 1268 Corresponding to the former SEQ ID n° 1752
SEQ ID N° 3747	Listeria monocytogenes 4b Contig876 Corresponding to the former SEQ ID n° 1336 Corresponding to the former SEQ ID n° 1623
SEQ ID N° 3748	Listeria monocytogenes 4b Contig877 Corresponding to the former SEQ ID n° 1259 Corresponding to the former SEQ ID n° 1551 Corresponding to the former SEQ ID n° 1866
SEQ ID N° 3749	Listeria monocytogenes 4b Contig878 Corresponding to the former SEQ ID n° 1224
SEQ ID N° 3750	Listeria monocytogenes 4b Contig879 Corresponding to the former SEQ ID n° 1418 Corresponding to the former SEQ ID n° 1571 Corresponding to the former SEQ ID n° 1809
SEQ ID N° 3751	Listeria monocytogenes 4b Contig880 Corresponding to the former SEQ ID n° 1420 Corresponding to the former SEQ ID n° 1664
SEQ ID N° 3752	Listeria monocytogenes 4b Contig881 Corresponding to the former SEQ ID n° 1137 Corresponding to the former SEQ ID n° 1367
SEQ ID N° 3753	Listeria monocytogenes 4b Contig882 Corresponding to the former SEQ ID n° 1222 Corresponding to the former SEQ ID n° 1318 Corresponding to the former SEQ ID n° 1758
SEQ ID N° 3754	Listeria monocytogenes 4b Contig883 Corresponding to the former SEQ ID n° 1978
SEQ ID N° 3755	Listeria monocytogenes 4b Contig884 Corresponding to the former SEQ ID n° 1793 Corresponding to the former SEQ ID n° 1855
SEQ ID N° 3756	Listeria monocytogenes 4b Contig885 Corresponding to the former SEQ ID n° 1236 Corresponding to the former SEQ ID n° 1666 Corresponding to the former SEQ ID n° 1892
SEQ ID N° 3757	Listeria monocytogenes 4b Contig886 Corresponding to the former SEQ ID n° 1466 Corresponding to the former SEQ ID n° 1825
SEQ ID N° 3758	Listeria monocytogenes 4b Contig887 Corresponding to the former SEQ ID n° 1901
SEQ ID N° 3759	Listeria monocytogenes 4b Contig888 Corresponding to the former SEQ ID n° 1761 Corresponding to the former SEQ ID n° 1947
SEQ ID N° 3760	Listeria monocytogenes 4b Contig889 Corresponding to the former SEQ ID n° 1517 Corresponding to the former SEQ ID n° 1943
SEQ ID N° 3761	Listeria monocytogenes 4b Contig890

	Corresponding to the former SEQ ID n° 1654
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1787
SEQ ID N° 3762	Listeria monocytogenes 4b Contig891
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1427
	Corresponding to the former SEQ ID n° 2019
SEQ ID N° 3763	Listeria monocytogenes 4b Contig892
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1441
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1974
SEQ ID N° 3764	Listeria monocytogenes 4b Contig893
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1411
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1733
SEQ ID N° 3765	Listeria monocytogenes 4b Contig894
SEQ ID N° 3766	Listeria monocytogenes 4b Contig895
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1994
SEQ ID N° 3767	Listeria monocytogenes 4b Contig896
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1552
SEQ ID N° 3768	Listeria monocytogenes 4b Contig897
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1442
SEQ ID N° 3769	Listeria monocytogenes 4b Contig898
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1150
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1937
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1980
SEQ ID N° 3770	Listeria monocytogenes 4b Contig899
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1258
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1816
SEQ ID N° 3771	Listeria monocytogenes 4b Contig900
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1983
SEQ ID N° 3772	Listeria monocytogenes 4b Contig901
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1422
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1726
SEQ ID N° 3773	Listeria monocytogenes 4b Contig902
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1410
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1778
SEQ ID N° 3774	Listeria monocytogenes 4b Contig903
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1232
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1487
SEQ ID N° 3775	Listeria monocytogenes 4b Contig904
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1898
SEQ ID N° 3776	Listeria monocytogenes 4b Contig905
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1368
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1985
SEQ ID N° 3777	Listeria monocytogenes 4b Contig906
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1997
SEQ ID N° 3778	Listeria monocytogenes 4b Contig907
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1321
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1542
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1843
SEQ ID N° 3779	Listeria monocytogenes 4b Contig908
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1530
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1667

SEQ ID N° 3780	Listeria monocytogenes 4b Contig909 Corresponding to the former SEQ ID n° 1534 Corresponding to the former SEQ ID n° 1936
SEQ ID N° 3781	Listeria monocytogenes 4b Contig910 Corresponding to the former SEQ ID n° 1567 Corresponding to the former SEQ ID n° 1587 Corresponding to the former SEQ ID n° 1642 Corresponding to the former SEQ ID n° 1674
SEQ ID N° 3782	Listeria monocytogenes 4b Contig911 Corresponding to the former SEQ ID n° 2000
SEQ ID N° 3783	Listeria monocytogenes 4b Contig912 Corresponding to the former SEQ ID n° 1909
SEQ ID N° 3784	Listeria monocytogenes 4b Contig913 Corresponding to the former SEQ ID n° 1106 Corresponding to the former SEQ ID n° 1365 Corresponding to the former SEQ ID n° 1734
SEQ ID N° 3785	Listeria monocytogenes 4b Contig914 Corresponding to the former SEQ ID n° 1284 Corresponding to the former SEQ ID n° 1309 Corresponding to the former SEQ ID n° 1613
SEQ ID N° 3786	Listeria monocytogenes 4b Contig915 Corresponding to the former SEQ ID n° 2002
SEQ ID N° 3787	Listeria monocytogenes 4b Contig916 Corresponding to the former SEQ ID n° 1271 Corresponding to the former SEQ ID n° 1941
SEQ ID N° 3788	Listeria monocytogenes 4b Contig917 Corresponding to the former SEQ ID n° 1104 Corresponding to the former SEQ ID n° 2030
SEQ ID N° 3789	Listeria monocytogenes 4b Contig918 Corresponding to the former SEQ ID n° 1959
SEQ ID N° 3790	Listeria monocytogenes 4b Contig919 Corresponding to the former SEQ ID n° 1266 Corresponding to the former SEQ ID n° 2020
SEQ ID N° 3791	Listeria monocytogenes 4b Contig920 Corresponding to the former SEQ ID n° 1405 Corresponding to the former SEQ ID n° 1718 Corresponding to the former SEQ ID n° 1919
SEQ ID N° 3792	Listeria monocytogenes 4b Contig921 Corresponding to the former SEQ ID n° 1908
SEQ ID N° 3793	Listeria monocytogenes 4b Contig922 Corresponding to the former SEQ ID n° 1786
SEQ ID N° 3794	Listeria monocytogenes 4b Contig923 Corresponding to the former SEQ ID n° 1370 Corresponding to the former SEQ ID n° 1371 Corresponding to the former SEQ ID n° 1372 Corresponding to the former SEQ ID n° 1574
SEQ ID N° 3795	Listeria monocytogenes 4b Contig924 Corresponding to the former SEQ ID n° 1488
SEQ ID N° 3796	Listeria monocytogenes 4b Contig925 Corresponding to the former SEQ ID n° 1532

SEQ ID N° 3797	Corresponding to the former SEQ ID n° 2008 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig926
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1677
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1906
SEQ ID N° 3798	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig927
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1497
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1699
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1700
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1948
SEQ ID N° 3799	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig928
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1891
SEQ ID N° 3800	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig929
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1633
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1656
SEQ ID N° 3801	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig930
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1419
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1494
SEQ ID N° 3802	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig931
	Corresponding to the former SEQ ID n° 2027
SEQ ID N° 3803	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig932
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1814
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1828
SEQ ID N° 3804	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig933
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1400
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1628
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1698
SEQ ID N° 3805	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig934
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1513
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1695
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1960
SEQ ID N° 3806	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig935
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1648
	Corresponding to the former SEQ ID n° 2018
SEQ ID N° 3807	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig936
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1238
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1636
SEQ ID N° 3808	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig937
SEQ ID N° 3809	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig938
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1341
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1836
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1848
SEQ ID N° 3810	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig939
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1087
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1381
SEQ ID N° 3811	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig940
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1288
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1386
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1881
SEQ ID N° 3812	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig941
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1729

SEQ ID N° 3813	Corresponding to the former SEQ ID n° 2014
	Listeria monocytogenes 4b Contig942
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1319
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1470
SEQ ID N° 3814	Corresponding to the former SEQ ID n° 1904
	Listeria monocytogenes 4b Contig943
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1447
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1810
SEQ ID N° 3815	Listeria monocytogenes 4b Contig944
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1999
SEQ ID N° 3816	Listeria monocytogenes 4b Contig945
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1127
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1504
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1507
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1631
SEQ ID N° 3817	Listeria monocytogenes 4b Contig946
	Corresponding to the former SEQ ID n° 2011
SEQ ID N° 3818	Listeria monocytogenes 4b Contig947
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1475
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1611
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1672
	Listeria monocytogenes 4b Contig948
SEQ ID N° 3819	Corresponding to the former SEQ ID n° 1088
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1539
	Listeria monocytogenes 4b Contig949
SEQ ID N° 3820	Corresponding to the former SEQ ID n° 1204
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1347
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1845
	Listeria monocytogenes 4b Contig950
SEQ ID N° 3821	Corresponding to the former SEQ ID n° 1706
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1869
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1976
	Listeria monocytogenes 4b Contig951
SEQ ID N° 3822	Corresponding to the former SEQ ID n° 1620
	Listeria monocytogenes 4b Contig952
SEQ ID N° 3823	Corresponding to the former SEQ ID n° 1886
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1935
	Listeria monocytogenes 4b Contig953
SEQ ID N° 3824	Corresponding to the former SEQ ID n° 1279
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1301
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1827
	Listeria monocytogenes 4b Contig954
SEQ ID N° 3825	Corresponding to the former SEQ ID n° 1605
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1753
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1792
	Listeria monocytogenes 4b Contig955
SEQ ID N° 3826	Corresponding to the former SEQ ID n° 1998
	Listeria monocytogenes 4b Contig956
SEQ ID N° 3827	Corresponding to the former SEQ ID n° 1310
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1632

SEQ ID N° 3828	Corresponding to the former SEQ ID n° 1853 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig957
SEQ ID N° 3829	Corresponding to the former SEQ ID n° 1914 Corresponding to the former SEQ ID n° 1968 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig958
SEQ ID N° 3830	Corresponding to the former SEQ ID n° 1569 Corresponding to the former SEQ ID n° 1801 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig959
SEQ ID N° 3831	Corresponding to the former SEQ ID n° 1369 Corresponding to the former SEQ ID n° 1931 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig960
SEQ ID N° 3832	Corresponding to the former SEQ ID n° 1247 Corresponding to the former SEQ ID n° 1617 Corresponding to the former SEQ ID n° 1731 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig961
SEQ ID N° 3833	Corresponding to the former SEQ ID n° 1302 Corresponding to the former SEQ ID n° 1920 Corresponding to the former SEQ ID n° 2012 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig962
SEQ ID N° 3834	Corresponding to the former SEQ ID n° 1068 Corresponding to the former SEQ ID n° 1072 Corresponding to the former SEQ ID n° 1635 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig963
SEQ ID N° 3835	Corresponding to the former SEQ ID n° 1757 Corresponding to the former SEQ ID n° 2024 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig964
SEQ ID N° 3836	Corresponding to the former SEQ ID n° 1509 Corresponding to the former SEQ ID n° 1831 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig965
SEQ ID N° 3837	Corresponding to the former SEQ ID n° 1097 Corresponding to the former SEQ ID n° 1230 Corresponding to the former SEQ ID n° 1760 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig966
SEQ ID N° 3838	Corresponding to the former SEQ ID n° 1343 Corresponding to the former SEQ ID n° 1766 Corresponding to the former SEQ ID n° 1878 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig967
SEQ ID N° 3839	Corresponding to the former SEQ ID n° 1593 Corresponding to the former SEQ ID n° 1604 Corresponding to the former SEQ ID n° 1979 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig968
SEQ ID N° 3840	Corresponding to the former SEQ ID n° 1863 Corresponding to the former SEQ ID n° 1969 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig969
SEQ ID N° 3841	Corresponding to the former SEQ ID n° 1339 Corresponding to the former SEQ ID n° 1608 Corresponding to the former SEQ ID n° 1942 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig970
SEQ ID N° 3842	Corresponding to the former SEQ ID n° 2038 <i>Listeria monocytogenes</i> 4b Contig971

	Corresponding to the former SEQ ID n° 1716
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1854
SEQ ID N° 3843	Listeria monocytogenes 4b Contig972
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1132
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1354
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1927
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1975
SEQ ID N° 3844	Listeria monocytogenes 4b Contig973
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1541
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1564
SEQ ID N° 3845	Listeria monocytogenes 4b Contig974
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1201
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1797
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1910
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1981
SEQ ID N° 3846	Listeria monocytogenes 4b Contig975
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1342
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1649
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1751
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1944
SEQ ID N° 3847	Listeria monocytogenes 4b Contig976
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1742
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1896
SEQ ID N° 3848	Listeria monocytogenes 4b Contig977
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1079
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1868
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1875
SEQ ID N° 3849	Listeria monocytogenes 4b Contig978
	Corresponding to the former SEQ ID n° 2013
SEQ ID N° 3850	Listeria monocytogenes 4b Contig979
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1818
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1884
SEQ ID N° 3851	Listeria monocytogenes 4b Contig980
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1359
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1519
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1839
SEQ ID N° 3852	Listeria monocytogenes 4b Contig981
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1414
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1782
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1900
SEQ ID N° 3853	Listeria monocytogenes 4b Contig982
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1566
SEQ ID N° 3854	Listeria monocytogenes 4b Contig983
	Corresponding to the former SEQ ID n° 2033
SEQ ID N° 3855	Listeria monocytogenes 4b Contig984
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1330
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1748
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1790
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1962
SEQ ID N° 3856	Listeria monocytogenes 4b Contig985

SEQ ID N° 3857	Corresponding to the former SEQ ID n° 1682
	Corresponding to the former SEQ ID n° 2031
SEQ ID N° 3858	Listeria monocytogenes 4b Contig986
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1468
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1606
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1930
SEQ ID N° 3859	Listeria monocytogenes 4b Contig987
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1740
	Corresponding to the former SEQ ID n° 2034
SEQ ID N° 3860	Listeria monocytogenes 4b Contig988
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1156
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1241
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1715
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1958
SEQ ID N° 3861	Listeria monocytogenes 4b Contig989
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1158
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1719
	Corresponding to the former SEQ ID n° 2023
SEQ ID N° 3862	Listeria monocytogenes 4b Contig990
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1110
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1911
	Corresponding to the former SEQ ID n° 2022
	Listeria monocytogenes 4b Contig991
SEQ ID N° 3863	Corresponding to the former SEQ ID n° 1190
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1735
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1823
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1824
	Listeria monocytogenes 4b Contig992
SEQ ID N° 3864	Corresponding to the former SEQ ID n° 1257
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1907
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1989
	Listeria monocytogenes 4b Contig993
SEQ ID N° 3865	Corresponding to the former SEQ ID n° 1802
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1803
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1833
	Corresponding to the former SEQ ID n° 2016
	Listeria monocytogenes 4b Contig994
SEQ ID N° 3866	Corresponding to the former SEQ ID n° 1879
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1924
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1977
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1993
SEQ ID N° 3867	Listeria monocytogenes 4b Contig995
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1390
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1834
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1876
SEQ ID N° 3868	Listeria monocytogenes 4b Contig996
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1192
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1591
SEQ ID N° 3868	Corresponding to the former SEQ ID n° 1712
	Listeria monocytogenes 4b Contig997

SEQ ID N° 3869	Corresponding to the former SEQ ID n° 1964
	Corresponding to the former SEQ ID n° 2032
	Listeria monocytogenes 4b Contig998
SEQ ID N° 3870	Corresponding to the former SEQ ID n° 1287
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1430
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1678
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1902
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1940
	Listeria monocytogenes 4b Contig999
SEQ ID N° 3871	Corresponding to the former SEQ ID n° 1357
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1646
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1887
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1995
	Listeria monocytogenes 4b Contig1000
SEQ ID N° 3872	Corresponding to the former SEQ ID n° 1202
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1724
	Corresponding to the former SEQ ID n° 2036
SEQ ID N° 3873	Listeria monocytogenes 4b Contig1001
	Corresponding to the former SEQ ID n° 2039
	Listeria monocytogenes 4b Contig1002
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1113
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1429
SEQ ID N° 3874	Corresponding to the former SEQ ID n° 1600
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1956
	Listeria monocytogenes 4b Contig1003
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1214
SEQ ID N° 3875	Corresponding to the former SEQ ID n° 1817
	Listeria monocytogenes 4b Contig1004
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1249
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1378
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1463
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1708
SEQ ID N° 3876	Corresponding to the former SEQ ID n° 1749
	Listeria monocytogenes 4b Contig1005
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1544
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1723
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1738
SEQ ID N° 3877	Corresponding to the former SEQ ID n° 2015
	Listeria monocytogenes 4b Contig1006
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1516
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1746
SEQ ID N° 3878	Corresponding to the former SEQ ID n° 1830
	Listeria monocytogenes 4b Contig1007
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1467
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1806
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1811
SEQ ID N° 3879	Corresponding to the former SEQ ID n° 1837
	Listeria monocytogenes 4b Contig1008
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1644
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1702

SEQ ID N° 3880	Corresponding to the former SEQ ID n° 1990
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1996
	Listeria monocytogenes 4b Contig1009
SEQ ID N° 3881	Corresponding to the former SEQ ID n° 1565
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1595
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1918
	Listeria monocytogenes 4b Contig1010
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1361
SEQ ID N° 3882	Corresponding to the former SEQ ID n° 1478
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1510
	Corresponding to the former SEQ ID n° 2006
	Listeria monocytogenes 4b Contig1011
SEQ ID N° 3883	Corresponding to the former SEQ ID n° 1083
	Corresponding to the former SEQ ID n° 2037
	Listeria monocytogenes 4b Contig1012
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1769
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1835
SEQ ID N° 3884	Corresponding to the former SEQ ID n° 1850
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1867
	Listeria monocytogenes 4b Contig1013
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1982
SEQ ID N° 3885	Corresponding to the former SEQ ID n° 2035
	Listeria monocytogenes 4b Contig1014
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1529
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1581
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1739
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1865
SEQ ID N° 3886	Corresponding to the former SEQ ID n° 1970
	Listeria monocytogenes 4b Contig1015
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1170
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1180
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1265
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1434
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1536
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1548
SEQ ID N° 3887	Corresponding to the former SEQ ID n° 1877
	Listeria monocytogenes 4b Contig1016
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1219
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1917
SEQ ID N° 3888	Corresponding to the former SEQ ID n° 2040
	Listeria monocytogenes 4b Contig1017
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1245
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1821
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1841
	Corresponding to the former SEQ ID n° 2004
SEQ ID N° 3889	Corresponding to the former SEQ ID n° 2025
	Listeria monocytogenes 4b Contig1018
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1317
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1813
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1991

	Corresponding to the former SEQ ID n° 2001
	Corresponding to the former SEQ ID n° 2029
SEQ ID N° 3890	Listeria monocytogenes 4b Contig1019
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1926
	Corresponding to the former SEQ ID n° 2041
SEQ ID N° 3891	Listeria monocytogenes 4b Contig1020
	Corresponding to the former SEQ ID n° 1873

TABLEAU IX : Légendes

SEQ ID Nos. 3892-4025 : séquences de 134 Contigs issus de l'assemblage de 13919

- 5 séquences de *Listeria monocytogenes* 4b après soustraction des séquences de *L.monocytogenes* EGDe et de *L. innocua* Clip11262.

TABLEAU IX

SEQ ID N° 3892	Listeria monocytogenes 4b-spécifique Contig6
SEQ ID N° 3893	Listeria monocytogenes 4b-spécifique Contig7
SEQ ID N° 3894	Listeria monocytogenes 4b-spécifique Contig8
SEQ ID N° 3895	Listeria monocytogenes 4b-spécifique Contig9
SEQ ID N° 3896	Listeria monocytogenes 4b-spécifique Contig10
SEQ ID N° 3897	Listeria monocytogenes 4b-spécifique Contig11
SEQ ID N° 3898	Listeria monocytogenes 4b-spécifique Contig12
SEQ ID N° 3899	Listeria monocytogenes 4b-spécifique Contig13
SEQ ID N° 3900	Listeria monocytogenes 4b-spécifique Contig14
SEQ ID N° 3901	Listeria monocytogenes 4b-spécifique Contig15
SEQ ID N° 3902	Listeria monocytogenes 4b-spécifique Contig16
SEQ ID N° 3903	Listeria monocytogenes 4b-spécifique Contig17
SEQ ID N° 3904	Listeria monocytogenes 4b-spécifique Contig18
SEQ ID N° 3905	Listeria monocytogenes 4b-spécifique Contig19
SEQ ID N° 3906	Listeria monocytogenes 4b-spécifique Contig20
SEQ ID N° 3907	Listeria monocytogenes 4b-spécifique Contig21
SEQ ID N° 3908	Listeria monocytogenes 4b-spécifique Contig22
SEQ ID N° 3909	Listeria monocytogenes 4b-spécifique Contig23
SEQ ID N° 3910	Listeria monocytogenes 4b-spécifique Contig24
SEQ ID N° 3911	Listeria monocytogenes 4b-spécifique Contig25
SEQ ID N° 3912	Listeria monocytogenes 4b-spécifique Contig26
SEQ ID N° 3913	Listeria monocytogenes 4b-spécifique Contig27
SEQ ID N° 3914	Listeria monocytogenes 4b-spécifique Contig28
SEQ ID N° 3915	Listeria monocytogenes 4b-spécifique Contig29
SEQ ID N° 3916	Listeria monocytogenes 4b-spécifique Contig30
SEQ ID N° 3917	Listeria monocytogenes 4b-spécifique Contig31
SEQ ID N° 3918	Listeria monocytogenes 4b-spécifique Contig32
SEQ ID N° 3919	Listeria monocytogenes 4b-spécifique Contig33
SEQ ID N° 3920	Listeria monocytogenes 4b-spécifique Contig34
SEQ ID N° 3921	Listeria monocytogenes 4b-spécifique Contig35

SEQ ID N° 4022	Listeria monocytogenes 4b-spécifique Contig136
SEQ ID N° 4023	Listeria monocytogenes 4b-spécifique Contig137
SEQ ID N° 4024	Listeria monocytogenes 4b-spécifique Contig138
SEQ ID N° 4025	Listeria monocytogenes 4b-spécifique Contig139

REVENDEICATIONS

1. Procédé d'identification de séquences nucléotidiques spécifiques du génome d'une souche de bactérie du genre *Listeria*, notamment spécifiques d'une souche de *L. innocua* ou *L. monocytogenes*, telle que la souche *L. monocytogenes* EGDe ou *L. monocytogenes* 4b.

2. Procédé d'identification de séquences nucléotidiques selon la revendication 1, caractérisé en ce que l'on identifie les séquences spécifiques de :

- *L. innocua* par rapport à *L. monocytogenes*, notamment par rapport *L. monocytogenes* EGDe et/ou *L. monocytogenes* 4b ;

- *L. monocytogenes*, notamment *L. monocytogenes* EGDe ou *L. monocytogenes* 4b, par rapport à *L. innocua* ;

- *L. monocytogenes* EGDe par rapport à *L. innocua* et/ou *L. monocytogenes* 4b ;

ou

- *L. monocytogenes* 4b par rapport à *L. innocua* et/ou *L. monocytogenes* EGDe.

3. Procédé d'identification de séquences nucléotidiques selon la revendication 1 ou 2, caractérisé en ce qu'il comprend au moins les étapes suivantes :

a) l'alignement des séquences nucléotidiques de *L. monocytogenes*, notamment celles de *L. monocytogenes* EGDe et/ou *L. monocytogenes* 4b, et de celles de *L. innocua* selon les revendications 5 à 8, 10 à 17 et 21 ; et

b) le traitement des données obtenues par cet alignement pour isoler lesdites séquences spécifiques.

4. Procédé d'identification de séquences nucléotidiques selon l'une des revendication 1 à 3, caractérisé en ce que les séquences nucléotidiques spécifiques de *L. innocua* ou *L. monocytogenes*, notamment celles de *L. monocytogenes* EGDe et/ou *L. monocytogenes* 4b, hybrident dans des conditions de forte stringence avec respectivement les séquences nucléotidiques, ou leur séquence complémentaire, de *L. innocua* ou *L. monocytogenes*, notamment celles de *L. monocytogenes* EGDe et/ou *L. monocytogenes* 4b.

5. Séquence nucléotidique issue de *Listeria innocua* caractérisée en ce qu'elle correspond à une séquence choisie parmi SEQ ID No. 1 à SEQ ID No. 11, SEQ ID No. 2057 et SEQ ID No. 2058.

6. Séquence nucléotidique issue de *Listeria innocua*, caractérisée en ce qu'elle est choisie parmi :

- a) une séquence nucléotidique comportant au moins 75 % d'identité avec une séquence choisie parmi SEQ ID No. 1 à SEQ ID No. 11, SEQ ID No. 2057 et SEQ ID No. 2058 ;
- 5 b) une séquence nucléotidique hybridant dans des conditions de forte stringence avec une séquence choisie parmi SEQ ID No. 1 à SEQ ID No. 11, SEQ ID No. 2057 et SEQ ID No. 2058 ;
- c) une séquence nucléotidique complémentaire d'une séquence choisie parmi SEQ ID No. 1 à SEQ ID No. 11, SEQ ID No. 2057 et SEQ ID No. 2058 ou complémentaire d'une séquence nucléotidique telle que définie en a) ou b), ou une
- 10 séquence nucléotidique de l'ARN correspondant à l'une des séquences a) ou b) ;
- d) une séquence nucléotidique d'un fragment représentatif d'une séquence choisie parmi SEQ ID No. 1 à SEQ ID No. 11, SEQ ID No. 2057 et SEQ ID No. 2058, ou d'un fragment représentatif d'une séquence nucléotidique telle que définie en a), b) ou c) ;
- 15 e) une séquence nucléotidique comprenant une séquence telle que définie en a), b), c) ou d) ; et
- f) une séquence nucléotidique telle que définie en a), b), c), d) ou e) modifiée.
7. Séquence nucléotidique selon la revendication 6, caractérisée en ce qu'il
- 20 s'agit d'une séquence issue d'une séquence choisie parmi SEQ ID No. 1 à SEQ ID No. 11, SEQ ID No. 2057 et SEQ ID No. 2058, et en ce qu'elle code pour un polypeptide, ladite séquence nucléotidique étant choisie de préférence parmi les séquences SEQ ID No. 12 à SEQ ID No. 689, SEQ ID No. 2053 à SEQ ID No. 2056 et SEQ ID No. 2059 à SEQ ID No. 2601.
- 25 8. Séquence nucléotidique caractérisée en ce qu'elle comprend une séquence nucléotidique choisie parmi :
- a) une séquence nucléotidique selon la revendication 7 ;
- b) une séquence nucléotidique comportant au moins 75 % d'identité avec une séquence nucléotidique selon la revendication 7 ;
- 30 c) une séquence nucléotidique s'hybridant dans des conditions de forte stringence avec une séquence nucléotidique selon la revendication 7 ;
- d) une séquence nucléotidique complémentaire ou d'ARN correspondant à une séquence telle que définie en a), b) ou c) ;

e) une séquence nucléotidique d'un fragment représentatif d'une séquence telle que définie en a), b), c) ou d) ; et

f) une séquence telle que définie en a), b), c), d) ou e) modifiée.

5 9. Polypeptide codé par une séquence nucléotidique selon l'une des revendications 6 à 8.

10. Polypeptide selon la revendication 9, caractérisé en ce qu'il est choisi parmi les polypeptides codés par une séquence choisie parmi SEQ ID No. 12 à SEQ ID No. 689, SEQ ID No. 2053 à SEQ ID No. 2056 et SEQ ID No. 2059 à SEQ ID No. 2601.

10 11. Polypeptide caractérisé en ce qu'il comprend un polypeptide choisi parmi :

a) un polypeptide selon l'une des revendications 9 et 10 ;

b) un polypeptide présentant au moins 80 % d'identité avec un polypeptide selon l'une des revendications 9 et 10 ;

15 c) un fragment d'au moins 5 acides aminés d'un polypeptide selon l'une des revendications 9 et 10, ou tel que défini en b) ;

d) un fragment biologiquement actif d'un polypeptide selon l'une des revendications 9 et 10, ou tel que défini en b) ou c) ; et

e) un polypeptide selon l'une des revendications 9 et 10, ou tel que défini en b), c) ou d) modifié.

20 12. Séquence nucléotidique codant pour un polypeptide selon la revendication 11.

13. Séquence nucléotidique codant pour un polypeptide spécifique de *L. innocua*, caractérisée en ce qu'elle est choisie parmi SEQ ID No. 12 à SEQ ID No. 689 et SEQ ID No. 2059 à SEQ ID No. 2601.

25 14. Séquence nucléotidique issue de *Listeria monocytogenes* sérotype 4b caractérisée en ce qu'elle correspond à une séquence choisie parmi SEQ ID No. 1068 à SEQ ID No. 2041 et SEQ ID No. 2872 à SEQ ID No. 3891.

15. Séquence nucléotidique issue de *Listeria monocytogenes* sérotype 4b, caractérisée en ce qu'elle est choisie parmi :

30 a) une séquence nucléotidique comportant au moins 75 % d'identité avec une séquence choisie parmi SEQ ID No. 1068 à SEQ ID No. 2041 et SEQ ID No. 2872 à SEQ ID No. 3891 ;

b) une séquence nucléotidique hybridant dans des conditions de forte stringence avec une séquence choisie parmi SEQ ID No. 1068 à SEQ ID No. 2041 et SEQ ID No. 2872 à SEQ ID No. 3891 ;

5 c) une séquence nucléotidique complémentaire d'une séquence choisie parmi SEQ ID No. 1068 à SEQ ID No. 2041 et SEQ ID No. 2872 à SEQ ID No. 3891 ou complémentaire d'une séquence nucléotidique telle que définie en a), ou b), ou une séquence nucléotidique de l'ARN correspondant à l'une des séquences a) ou b) ;

d) une séquence nucléotidique d'un fragment représentatif d'une séquence choisie parmi SEQ ID No. 1068 à SEQ ID No. 2041 et SEQ ID No. 2872 à SEQ ID No. 10 3891, ou d'un fragment représentatif d'une séquence nucléotidique telle que définie en a), b) ou c) ;

e) une séquence nucléotidique comprenant une séquence telle que définie en a), b), c) ou d) ; et

f) une séquence nucléotidique telle que définie en a), b), c), d) ou e) 15 modifiée.

16. Séquence nucléotidique selon la revendication 15, caractérisée en ce qu'il s'agit d'une séquence issue d'une séquence choisie parmi SEQ ID No. 1068 à SEQ ID No. 2041 et SEQ ID No. 2872 à SEQ ID No. 3891, et en ce qu'elle code pour un polypeptide, ladite séquence nucléotidique étant choisie de préférence parmi les 20 séquences SEQ ID No. 690 à SEQ ID No. 1067 et SEQ ID No. 2602 à SEQ ID No. 2871 et SEQ ID No. 2049 à SEQ ID No. 2052.

17. Séquence nucléotidique, caractérisée en ce qu'elle comprend une séquence nucléotidique choisie parmi :

a) une séquence nucléotidique selon la revendication 16 ;
25 b) une séquence nucléotidique comportant au moins 75 % d'identité avec une séquence nucléotidique selon la revendication 16 ;

c) une séquence nucléotidique s'hybridant dans des conditions de forte stringence avec une séquence nucléotidique selon la revendication 16 ;

d) une séquence nucléotidique complémentaire ou d'ARN correspondant à 30 une séquence telle que définie en a), b) ou c) ;

e) une séquence nucléotidique d'un fragment représentatif d'une séquence telle que définie en a), b), c) ou d) ; et

f) une séquence telle que définie en a), b), c), d) ou e) modifiée.

18. Polypeptide codé par une séquence nucléotidique selon l'une des revendications 15 à 17.

19. Polypeptide selon la revendication 18, caractérisé en ce qu'il est choisi parmi les polypeptides codés par une séquence choisie parmi SEQ ID No. 690 à SEQ ID No. 1067, SEQ ID No. 2049 à SEQ ID No. 2052 et SEQ ID No. 2602 à SEQ ID No. 2871.

20. Polypeptide caractérisé en ce qu'il comprend un polypeptide choisi parmi :

- a) un polypeptide selon l'une des revendications 18 et 19 ;
- b) un polypeptide présentant au moins 80 % d'identité avec un polypeptide selon l'une des revendications 18 et 19 ;
- c) un fragment d'au moins 5 acides aminés d'un polypeptide selon l'une des revendications 18 et 19, ou tel que défini en b) ;
- d) un fragment biologiquement actif d'un polypeptide selon l'une des revendications 18 et 19, ou tel que défini en b) ou c) ; et
- e) un polypeptide selon l'une des revendications 18 et 19 ou tel que défini en b), c) ou d) modifié.

21. Séquence nucléotidique codant pour un polypeptide selon la revendication 20.

22. Séquence nucléotidique codant pour un polypeptide spécifique de *L. monocytogenes*, caractérisée en ce qu'elle est choisie parmi SEQ ID No. 690 à SEQ ID No. 1067, SEQ ID No. 2602 à SEQ ID No. 2871 et SEQ ID No. 3892 à SEQ ID No. 4025.

23. Séquence nucléotidique codant pour un polypeptide présentant au moins 87 % d'identité entre *L. innocua* et *L. monocytogenes*, caractérisée en ce qu'elle est choisie parmi SEQ ID No. 2049 à SEQ ID No. 2056.

24. Séquence nucléotidique selon l'une des revendications 6 à 8, 12, 13, 15 à 17, 21 à 23, caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide de *L. innocua* ou *L. monocytogenes* ou l'un de ses fragments :

- impliqué dans la biosynthèse des acides aminés dans la biosynthèse des cofacteurs, groupes prosthétiques et transporteurs ;
- d'enveloppe cellulaire ou situé à la surface de *L. innocua* ou *L. monocytogenes* ;
- impliqué dans la machinerie cellulaire ;
- impliqué dans le métabolisme intermédiaire central ;
- impliqué dans le métabolisme énergétique ;

- impliqué dans le métabolisme des acides gras et des phospholipides ;
 - impliqué dans le métabolisme des nucléotides, des purines, des pyrimidines ou nucléosides ;
 - impliqué dans les fonctions de régulation ;
 - 5 - impliqué dans le processus de réplication ;
 - impliqué dans le processus de transcription ;
 - impliqué dans le processus de traduction ;
 - impliqué dans le processus de transport et de liaison des protéines ;
 - impliqué dans l'adaptation aux conditions atypiques ;
 - 10 - impliqué dans la sensibilité aux médicaments et analogues ; ou
 - impliqué dans les fonctions relatives aux transposons.
25. Polypeptide selon l'une des revendications 9 à 11, et 17 à 20, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de *L. innocua* ou *L. monocytogenes* :
- impliqué dans la biosynthèse des acides aminés dans la biosynthèse des cofacteurs,
 - 15 groupes prosthétiques et transporteurs ;
 - d'enveloppe cellulaire ou situé à la surface de *L. innocua* ou *L. monocytogenes* ;
 - impliqué dans la machinerie cellulaire ;
 - impliqué dans le métabolisme intermédiaire central ;
 - impliqué dans le métabolisme énergétique ;
 - 20 - impliqué dans le métabolisme des acides gras et des phospholipides ;
 - impliqué dans le métabolisme des nucléotides, des purines, des pyrimidines ou nucléosides ;
 - impliqué dans les fonctions de régulation ;
 - impliqué dans le processus de réplication ;
 - 25 - impliqué dans le processus de transcription ;
 - impliqué dans le processus de traduction ;
 - impliqué dans le processus de transport et de liaison des protéines ;
 - impliqué dans l'adaptation aux conditions atypiques ;
 - impliqué dans la sensibilité aux médicaments et analogues ; ou
 - 30 - impliqué dans les fonctions relatives aux transposons.

26. Séquence nucléotidique utilisable comme amorce ou comme sonde, caractérisée en ce que ladite séquence est choisie parmi les séquences nucléotidiques selon l'une des revendications 6 à 8, 12 à 17 et 21 à 23.

27. Séquence nucléotidique selon la revendication 26, caractérisée en ce qu'elle est marquée par un composé radioactif ou par un composé non radioactif.
28. Séquence nucléotidique selon l'une des revendications 26 et 27, caractérisée en ce qu'elle est immobilisée sur un support, de manière covalente ou non-covalente.
29. Séquence nucléotidique selon la revendication 28, caractérisée en ce qu'elle est immobilisée sur un support tel qu'un filtre à haute densité ou une puce à ADN.
30. Séquence nucléotidique selon l'une des revendications 27 à 29 pour la détection et/ou l'amplification de séquences nucléiques.
31. Puce à ADN ou filtre, caractérisée en ce qu'elle contient au moins une séquence nucléotidique selon la revendication 29.
32. Puce à ADN ou filtre selon la revendication 31, caractérisée en ce qu'elle contient en outre au moins une séquence nucléotidique d'un micro-organisme autre que *L. innocua* ou *L. monocytogenes*, immobilisée sur le support de ladite puce.
33. Puce à ADN ou filtre selon la revendication 32, caractérisée en ce que le micro-organisme autre est choisi parmi un micro-organisme associé à *L. innocua* ou *L. monocytogenes*, une bactérie du genre *Listeria*, et un variant de *L. innocua* ou *L. monocytogenes*.
34. Kit ou nécessaire pour la détection et/ou l'identification de bactéries appartenant à l'espèce *L. innocua* ou *L. monocytogenes* ou à un micro-organisme associé, caractérisé en ce qu'il comprend une puce à ADN ou un filtre selon la revendication 31.
35. Kit ou nécessaire pour la détection et/ou l'identification d'un micro-organisme, caractérisé en ce qu'il comprend une puce à ADN ou un filtre selon l'une des revendications 32 et 33.
36. Kit ou nécessaire pour la détection et/ou la quantification de l'expression d'au moins un gène de *L. innocua* ou *L. monocytogenes*, caractérisé en ce qu'il comprend une puce à ADN ou un filtre selon l'une des revendications 32 à 33.
37. Vecteur de clonage, et/ou d'expression, caractérisé en ce qu'il contient une séquence nucléotidique selon l'une des revendications 5 à 8, 12, 13, 15 à 17 et 21 à 23.
38. Cellule hôte, caractérisée en ce qu'elle est transformée par un vecteur selon la revendication 37.

39. Cellule hôte selon la revendication 38, caractérisée en ce qu'il s'agit d'une bactérie appartenant au genre *Listeria*.

40. Cellule hôte selon la revendication 39, caractérisée en ce qu'il s'agit d'une bactérie appartenant à l'espèce *L. innocua* ou *L. monocytogenes*.

5 41. Végétal ou animal, excepté l'Homme, comprenant une cellule transformée selon l'une des revendications 38 à 40.

42. Procédé de préparation d'un polypeptide, caractérisé en ce que l'on cultive une cellule transformée par un vecteur selon la revendication 37 dans des conditions permettant l'expression dudit polypeptide et que l'on récupère ledit polypeptide
10 recombinant.

43. Polypeptide recombinant susceptible d'être obtenu par un procédé selon la revendication 42.

44. Procédé de préparation d'un polypeptide synthétique selon l'une des revendications 9 à 11, 18 à 20 et 25, caractérisé en ce que l'on effectue une synthèse
15 chimique dudit polypeptide.

45. Polypeptide hybride, caractérisé en ce qu'il comprend au moins la séquence d'un polypeptide selon l'une des revendications 9 à 11, 18 à 20, 25 et 43, et une séquence d'un polypeptide susceptible d'induire une réponse immunitaire chez l'homme ou l'animal.

20 46. Séquence nucléotidique codant pour un polypeptide hybride selon la revendication 45.

47. Vecteur caractérisé en ce qu'il contient une séquence nucléotidique selon la revendication 46.

48. Anticorps monoclonal ou polyclonal, ses fragments, ou anticorps
25 chimérique, caractérisé en ce qu'il est capable de reconnaître spécifiquement un polypeptide selon l'une des revendications 9 à 11, 18 à 20, 25, 43 et 45.

49. Anticorps selon la revendication 48, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un anticorps marqué.

50. Procédé pour la détection et/ou l'identification de bactéries appartenant à
30 l'espèce *L. innocua* ou *L. monocytogenes* ou à un micro-organisme associé dans un échantillon biologique, caractérisé en ce qu'il comprend les étapes suivantes :

a) mise en contact de l'échantillon biologique avec un anticorps selon l'une des revendications 48 et 49;

b) mise en évidence du complexe antigène-anticorps éventuellement formé.

51. Procédé pour la détection de l'expression d'un gène de *L. innocua* ou *L. monocytogenes* caractérisé en ce que l'on met en contact une souche de *L. innocua* ou *L. monocytogenes*, avec un anticorps selon la revendication 74 ou 75 et que l'on détecte le complexe antigène/anticorps éventuellement formé.

5 52. Kit ou nécessaire pour la mise en œuvre d'un procédé selon la revendication 50 ou 51, caractérisé en ce qu'il comprend les éléments suivants :

- a) un anticorps selon l'une des revendications 48 et 49;
- b) éventuellement, les réactifs pour la constitution du milieu propice à la réaction immunologique ;
- 10 c) éventuellement, les réactifs permettant la mise en évidence des complexes antigène-anticorps produits par la réaction immunologique.

53. Polypeptide selon l'une des revendications 9 à 11, 18 à 20, 25, 43 et 45, ou anticorps selon l'une des revendications 48 et 49, caractérisé en ce qu'il est immobilisé sur un support, notamment une puce à protéine.

15 54. Puce à protéine, caractérisée en ce qu'elle contient au moins un polypeptide selon l'une des revendications 9 à 11, 18 à 20, 25, 43 et 45, ou au moins un anticorps selon l'une des revendications 48 et 49, immobilisé sur le support de ladite puce.

20 55. Puce à protéine selon la revendication 54, caractérisée en ce qu'elle contient en outre au moins un polypeptide de micro-organisme autre que *L. innocua* ou *L. monocytogenes* ou au moins un anticorps dirigé contre un composé de micro-organisme autre que *L. innocua* ou *L. monocytogenes*, immobilisé sur le support de ladite puce.

25 56. Kit ou nécessaire pour la détection et/ou l'identification de bactéries appartenant à l'espèce *L. innocua* ou *L. monocytogenes* ou à un micro-organisme associé, caractérisé en ce qu'il comprend une puce à protéine selon l'une des revendications 54 et 55.

30 57. Kit ou nécessaire pour la détection et/ou l'identification d'un micro-organisme, caractérisé en ce qu'il comprend une puce à protéine selon la revendication 56.

58. Procédé de détection et/ou d'identification de bactéries appartenant à l'espèce *L. innocua* ou *L. monocytogenes* ou à un micro-organisme associé dans un échantillon biologique, caractérisé en ce qu'il met en œuvre une séquence nucléotidique selon l'une des revendications 6 à 8, 12, 13, 15 à 17, 21 à 24, 26 à 30 et 46.

59. Procédé selon la revendication 58, caractérisé en ce qu'il comporte les étapes suivantes :

a) éventuellement, isolement de l'ADN à partir de l'échantillon biologique à analyser, ou obtention d'un ADNc à partir de l'ARN de l'échantillon biologique ;

5 b) amplification spécifique de l'ADN de bactéries appartenant à l'espèce *L. innocua* ou *L. monocytogenes* ou à un micro-organisme associé à l'aide d'au moins une amorce selon l'une des revendications 26 à 30 ;

c) mise en évidence des produits d'amplification.

10 60. Procédé selon la revendication 58, caractérisé en ce qu'il comprend les étapes suivantes :

a) mise en contact d'une sonde nucléotidique selon l'une des revendications 26 à 30, avec un échantillon biologique, l'acide nucléique contenu dans l'échantillon biologique ayant, le cas échéant, préalablement été rendu accessible à l'hybridation, dans des conditions permettant l'hybridation de la sonde à l'acide nucléique d'une
15 bactérie appartenant à l'espèce *L. innocua* ou *L. monocytogenes* ou à un micro-organisme associé ;

b) mise en évidence de l'hybride éventuellement formé entre la sonde nucléotidique et l'acide nucléique de l'échantillon biologique.

20 61. Procédé selon la revendication 58, caractérisé en ce qu'il comprend les étapes suivantes :

a) mise en contact d'une sonde nucléotidique immobilisée sur un support selon la revendication 28 avec un échantillon biologique, l'acide nucléique de l'échantillon ayant, le cas échéant, été préalablement rendu accessible à l'hybridation, dans des conditions permettant l'hybridation de la sonde à l'acide nucléique d'une
25 bactérie appartenant à l'espèce *L. innocua* ou *L. monocytogenes* ou à un micro-organisme associé ;

b) mise en contact de l'hybride formé entre la sonde nucléotidique immobilisée sur un support et l'acide nucléique contenu dans l'échantillon biologique, le cas échéant après élimination de l'acide nucléique de l'échantillon biologique n'ayant
30 pas hybridé avec la sonde, avec une sonde nucléotidique marquée selon la revendication 27 ;

c) mise en évidence du nouvel hybride formé à l'étape b).

62. Procédé selon la revendication 61, caractérisé en ce que, préalablement à l'étape a), l'ADN de l'échantillon biologique ou l'ADNc obtenu éventuellement par

transcription inverse de l'ARN de l'échantillon, est amplifié à l'aide d'au moins une amorce selon l'une des revendications 26 à 30.

5 63. Kit ou nécessaire pour la détection et/ou l'identification de bactéries appartenant à l'espèce *L. innocua* ou *L. monocytogenes* ou à un micro-organisme associé, caractérisé en ce qu'il comprend les éléments suivants :

- a) une sonde nucléotidique selon l'une des revendications 26 à 30 ;
- b) éventuellement, les réactifs nécessaires à la mise en œuvre d'une réaction d'hybridation ;
- c) éventuellement, au moins une amorce selon l'une des revendications 26 à 10 30 ainsi que les réactifs nécessaires à une réaction d'amplification de l'ADN.

64. Kit ou nécessaire pour la détection et/ou l'identification de bactéries appartenant à l'espèce *L. innocua* ou *L. monocytogenes* ou à un micro-organisme associé, caractérisé en ce qu'il comprend les éléments suivants :

- a) une sonde nucléotidique, dite sonde de capture, selon la revendication 28 ;
- 15 b) une sonde oligonucléotidique, dite sonde de révélation, selon la revendication 27 ;
- c) éventuellement, au moins une amorce selon l'une des revendications 26 à 30 ainsi que les réactifs nécessaires à une réaction d'amplification de l'ADN.

20 65. Kit ou nécessaire pour la détection et/ou l'identification de bactéries appartenant à l'espèce *L. innocua* ou *L. monocytogenes* ou à un micro-organisme associé, caractérisé en ce qu'il comprend les éléments suivants :

- a) au moins une amorce selon l'une des revendications 26 à 30 ;
- b) éventuellement, les réactifs nécessaires pour effectuer une réaction d'amplification d'ADN ;
- 25 c) éventuellement, un composant permettant de vérifier la séquence du fragment amplifié, plus particulièrement une sonde oligonucléotidique selon l'une des revendications 26 à 30.

30 66. Procédé selon les revendications 50, 51 et 58 à 62 ou kit ou nécessaire selon les revendications 52, 56, 57 et 63 à 65 pour la détection et/ou l'identification de bactéries appartenant à l'espèce *L. innocua* ou *L. monocytogenes*, caractérisé en ce que ladite amorce et/ou ladite sonde sont choisies parmi les séquences nucléotidiques selon l'une des revendications 6 à 8, 12, 13, 15 à 17, 21 à 24, 26 à 30 et 46 spécifiques de l'espèce *L. innocua* ou *L. monocytogenes*, en ce que lesdits polypeptides sont choisis parmi les polypeptides selon l'une des revendications 9 à 11, 18 à 20, 25, 43 et 45

spécifiques de l'espèce *L. innocua* ou *L. monocytogenes* et en ce que lesdits anticorps sont choisis parmi les anticorps selon l'une des revendications 48 et 49 dirigés contre les polypeptides choisis parmi les polypeptides selon l'une des revendications 9 à 11, 18 à 20, 25, 43 et 45 spécifiques de l'espèce *L. innocua* ou *L. monocytogenes*.

- 5 67. Souche de *L. innocua* ou *L. monocytogenes*, caractérisée en ce qu'elle contient au moins une mutation dans au moins une séquence nucléotidique selon l'une des revendications 6 à 8, 12, 13, 15 à 17, 21 à 24.

68. Souche de *L. innocua* ou *L. monocytogenes* selon la revendication 67, caractérisée en ce que la mutation mène à une inactivation du gène.

- 10 69. Souche de *L. innocua* ou *L. monocytogenes* selon la revendication 67, caractérisée en ce que la mutation mène à une surexpression du gène.

70. Utilisation d'une séquence nucléotidique selon l'une des revendications 6 à 8, 12, 13, 15 à 17, 21 à 24, d'un polypeptide selon l'une des revendications 9 à 11, 18 à 20, 25, 43 et 45, d'un anticorps selon l'une des revendications 48 et 49, d'une cellule
15 selon l'une des revendications 38 à 40, et/ou d'un animal transformé selon la revendication 41 pour la sélection de composé organique ou inorganique capable de moduler, de réguler, d'induire ou d'inhiber l'expression de gènes, et/ou de modifier la répllication cellulaire de cellules eucaryotes ou procaryotes ou capables d'induire, d'inhiber ou d'aggraver chez un organisme animal ou humain les pathologies liées à une
20 infection par *L. monocytogenes* ou par un micro-organisme associé.

71. Méthode de sélection de composé capable de se lier à un polypeptide selon l'une des revendications 9 à 11, 18 à 20, 25, 43 et 45, capable de se lier à une séquence nucléotidique selon l'une des revendications 6 à 8, 12, 13, 15 à 17, 21 à 24, ou capable de reconnaître un anticorps selon l'une des revendications 48 et 49, et/ou
25 capable de moduler, de réguler, d'induire ou d'inhiber l'expression de gènes, et/ou de modifier la répllication cellulaire de cellules eucaryotes ou procaryotes, ou capables d'induire, d'inhiber ou d'aggraver chez un organisme animal ou humain les pathologies liées à une infection par *L. monocytogenes*, caractérisée en ce qu'elle comprend les étapes suivantes :

- 30 a) mise en contact dudit composé avec ledit polypeptide, ladite séquence nucléotidique, avec une cellule transformée selon l'une des revendications 38 à 40, et/ou administration dudit composé à un animal transformé selon la revendication 41 ;

 b) détermination de la capacité dudit composé à se lier avec ledit polypeptide ou ladite séquence nucléotidique, ou de moduler, de réguler, d'induire ou d'inhiber

l'expression de gènes, ou de moduler la croissance ou la réplication cellulaire, ou d'induire, d'inhiber ou d'aggraver chez ledit organisme animal ou humain les pathologies liées à une infection par *L. monocytogenes* ou par un micro-organisme associé.

5 72. Composition pharmaceutique comprenant un composé choisi parmi les composés suivants :

a) une séquence nucléotidique selon l'une des revendications 6 à 8, 12, 13, 15 à 17, 21 à 24 ;

b) un polypeptide selon l'une des revendications 9 à 11, 18 à 20, 25, 43 et 45;

10 c) un vecteur selon la revendication 37 ou 47 ;

d) un anticorps selon la revendication 48 ou 49.

73. Composition selon la revendication 72, éventuellement en association avec un véhicule pharmaceutiquement acceptable.

15 74. Composition pharmaceutique selon l'une des revendications 72 et 73 pour la prévention ou le traitement d'une infection par une bactérie appartenant à l'espèce *L. monocytogenes* ou par un micro-organisme associé.

75. Composition immunogène, caractérisée en ce qu'elle comprend un ou plusieurs polypeptides selon l'une des revendications 9 à 11, 18 à 20, 25, 43, et/ou un ou plusieurs polypeptides hybrides selon la revendication 45.

20 76. Utilisation d'une cellule selon l'une des revendications 38 à 40, ou d'un vecteur selon l'une des revendications 37 ou 47 pour la préparation d'une composition vaccinale.

25 77. Composition vaccinale, caractérisée en ce qu'elle contient un polynucléotide selon l'une des revendications 6 à 8, 12, 13, 15 à 17, 21 à 24, un vecteur selon l'une des revendications 37 ou 47, et/ou une cellule selon l'une des revendications 38 à 40.

30 78. Composition immunogène capable d'induire une réponse immunitaire cellulaire ou humorale pour la prévention ou le traitement d'une infection par bactérie appartenant à l'espèce *L. monocytogenes* ou par un micro-organisme associé, caractérisée en ce qu'elle comprend une composition immunogène selon l'une des revendications 75 et 77, en association avec un véhicule pharmaceutiquement acceptable et, éventuellement un ou plusieurs adjuvants de l'immunité appropriés.

79. Banque génomique d'une bactérie du genre *Listeria*.

- 80 Banque d'ADN génomique d'une bactérie du genre *Listeria* selon la revendication 79, caractérisée en ce que ladite banque d'ADN est clonée dans un plasmide.
- 5 81. Banque d'ADN génomique selon la revendication 79 ou 80, caractérisée en ce que ladite bactérie est *L. innocua* ou *L. monocytogenes* sérotype 4b.
82. Banque selon la revendication 79 ou 80, caractérisée en ce qu'il s'agit de la banque Li-shotgun déposée à la CNCM le 2 Octobre 2000 sous le n° I-2565.
83. Banque selon la revendication 79 ou 80, caractérisée en ce qu'il s'agit de la banque Lm4b-shotgun déposée à la CNCM le 2 Octobre 2000 sous le n° I-2566.
- 10 84. Banque génomique selon la revendication 79, caractérisée en ce que la bactérie est *L. innocua* ou *L. monocytogenes*.
85. Utilisation des banques génomiques selon l'une des revendications 79 à 84 pour isoler des séquences nucléotidiques spécifiques de *L. innocua* et *L. monocytogenes*, caractérisée en ce que les séquences nucléotidiques de *L. innocua* et *L. monocytogenes*
- 15 sont alignées et en ce que les données obtenues par cet alignement sont traitées pour isoler lesdites séquences spécifiques.
86. Composition pharmaceutique selon l'une des revendications 72 à 74, caractérisée en ce qu'elle comprend des anticorps dirigés contre des polypeptides spécifiques de *L. innocua* ou *L. monocytogenes*.
- 20 87. Procédé d'identification de séquences spécifiques de *L. innocua* ou *L. monocytogenes*, caractérisé par l'alignement des séquences nucléotidiques de *L. monocytogenes* et de celles de *L. innocua* selon les revendications 5 à 8, 12 à 17 et 21 et le traitement des données obtenues par cet alignement pour isoler lesdites séquences spécifiques.